

Guido Barbujani

L' INVENZIONE DELLE RAZZE



La parola razza è tornata di moda, dopo un periodo di appannamento. Ma siamo sicuri di sapere cosa significhi esattamente, e abbiamo motivo di credere che la specie umana sia costituita di razze biologiche diverse, come i cani o i cavalli? E poi: quanto dipendono dai nostri geni i difficili rapporti fra persone di cultura od origine diversa, e disuguaglianze economiche sociali? Questo libro, attraverso un percorso storico-critico di grande fascino culturale, riprecorre le tappe del dibattito sulle basi biologiche della diversità umana, dai primi tentativi di classificazione razziale fino ai moderni studi sul DNA. Ci racconta come la genetica sia riuscita a ricostruire le fasi più remote del cammino dell'umanità, dalle nostre origini africane alla colonizzazione dei cinque continenti, e come queste conoscenze smentiscano l'idea ottocentesca che l'umanità sia frammentata in gruppi biologicamente distinti, quei gruppi che in altre specie si chiamano razze.



Guido Barbujani è professore di Genetica all'Università di Ferrara. Si occupa di genetica umana e di evoluzione. Ha pubblicato anche romanzi, fra cui *Questione di razza* (Mondadori, 2003) e *Dilettanti, Quattro viaggi nei dintorni di Charles Darwin* (Sironi, 2004).

Guido Barbujani

L' INVENZIONE DELLE RAZZE

Bompiani

Indice

1. Confini

Dove ci si chiede se esistono e cosa sarebbero le razze umane

2. Le specie umane

Dove si dimostra che c'è una sola specie umana vivente ma si fa conoscenza con varie specie umane estinte

3. Dalla Creazione al Progetto Genoma Umano

Dove si percorre a spron battuto la storia della biologia evoluzionistica e della genetica

4. Di cosa parliamo quando parliamo di razze Dove si ragiona su cosa sia una razza

5. Cataloghi dell'umanità

Dove si scopre che non c'è un solo catalogo delle razze umane, ma tanti, anzi tantissimi

6. Cosa ci dicono i geni

Dove si sostiene che nei geni non si trovano razze umane

7. Modelli

Dove si parla di tre teorie sull'evoluzione dell'umanità

8. Cos'altro ci dicono i geni

Dove ci si convince che l'Africa non è un continente come tutti gli altri

9. Faceva il palo

Dove si assiste a svariati tentativi di resuscitare le razze

10. Ma se i negri fossero come me si chiamerebbero bianchi Dove si fanno i conti col senso comune

11. Tutti parenti, tutti differenti

Dove ci si dà appuntamento per le prossime puntate

Piccolo glossario

L'invenzione delle razze

Al grande Greco, Alexis Astrinakis

1. Confini

Dove ci si chiede se esistono e
cosa sarebbero le razze umane

Saltano fuori sempre nuovi confini, e continuiamo a scoprirne. Secondo il sito Warnews.it sono in corso, alla metà del 2006, 23 guerre, quasi tutte definite come "etniche". L'elenco va dalla A alla U, dall'Afghanistan all'Uganda, ma raggiunge la Z (Zimbabwe) se comprendiamo i casi, impossibili da contare, in cui, senza arrivare allo scontro fra eserciti, il conflitto fra gruppi etnici condiziona la vita quotidiana, i diritti dei cittadini e il loro accesso alle risorse naturali, all'istruzione e alla sanità. Xenofobia e razzismo, fino a pochi anni fa percepiti come residui di un sottosviluppo destinato a scomparire, sono diventati problemi globali, e non c'è area del mondo che ne sia immune.

Alexander Langer diceva che i confini, quando non possiamo abolirli, dobbiamo almeno cercare di renderli il più possibile permeabili. Al contrario, e con particolare forza nell'ultimo decennio, sta prevalendo la tendenza a inventarne sempre di nuovi, spesso arbitrari e sempre discutibili, intorno a nuove identità che ne risultano cementate, e dunque più facili da contrapporre ad altre. Tutto questo, ci dicono, si giustificerebbe con un legame inscindibile fra suolo e sangue, fra un territorio e coloro che, abitando da sempre, ne sarebbero gli unici legittimi occupanti. Siamo, ci dicono, profondamente differenti, biologicamente differenti, e le nostre identità, le cui radici sono

nei nostri geni, possono essere difese solo difendendo il nostro territorio contro l'invasione dei portatori di identità diverse.

Il conflitto fra identità non è un semplice conflitto politico: non riguarda ciò che si fa o si vuol fare, riguarda ciò che si è o si crede di essere. Perciò non ha vere soluzioni. Fra avversari politici esiste la possibilità di mediazione, ma fra identità che affondano le loro radici, vere o presunte, nell'antropologia e nella biologia, no. Se non riescono a convivere, l'unica è tenerle separate e sperare che la tregua regga. Il prezzo che si paga è una moltiplicazione dei confini e delle relative tensioni: non più solo fra stato e stato, ma anche lungo linee di separazione più sfuggenti che tagliano gli stati, le regioni e anche i quartieri delle nostre città, dove spesso si guardano con diffidenza, o si ignorano ostentatamente, persone di origini e culture diverse. E cosa capita a chi è costretto, o magari ha scelto, di vivere al di fuori del proprio confine? Le conseguenze sono sotto gli occhi di tutti. Dall'Europa all'Africa, dall'Asia alle Americhe, prende piede l'idea che non tutti possano avere ovunque gli stessi diritti. Discriminare la gente sulla base del colore della pelle, della lingua, della religione o del passaporto è un'abitudine che si diffonde sempre più e scandalizza sempre meno. Secondo un consolidato luogo comune, gli scienziati detesterebbero misurarsi con le urgenze del vivere, preferendo di gran lunga occuparsi delle loro ricerche nei loro bei laboratori. Forse è vero. Ma se è vero, nel caso di cui stiamo parlando siamo di fronte a un'eccezione.

Delle basi biologiche della diversità umana o, come si sarebbe detto un tempo e si ricomincia a dire adesso, della natura e dell'esistenza delle razze nell'uomo, si sono occupati, spesso con toni veementi, i più grandi nomi della biologia, da Linneo a Darwin, a molti contemporanei. Il dibattito sulla razza attraversa il settecento e l'ottocento, finché si infiamma e diventa particolarmente carico di conseguenze nel novecento. Per ovvi motivi, e per parecchi decenni, alla seconda guerra mondiale

segue una pausa, ma negli anni novanta la parola razza torna di moda. Si ricominciano a pubblicare studi genetici e antropologici e si ricomincia ad accapigliarsi sul loro significato. Da un lato, infatti, nessuno di questi studi riesce a dimostrare che nella nostra specie esistano razze ben distinte come nei cani o nei cavalli, e che la nostra identità, comunque vogliamo definirla, abbia qualcosa a che vedere con i nostri geni. Dall'altro, la parola "razza" fa parte del linguaggio (e del pensiero) di molti e, se questo non certifica la validità del concetto, lo rende però facile da comprendere e difficile da rimpiazzare con altri concetti, più adeguati a descrivere la diversità umana.

In realtà, il dibattito scientifico sulla razza va ben oltre la biologia e investe la politica sociale e la politica senza aggettivi. In interviste alla stampa, specializzata e non, noti genetisti statunitensi oggi dichiarano che bisogna tener conto della razza per non buttar via soldi in farmaci inutili o in progetti scolastici destinati a fornire inutili vantaggi a chi è condannato dai propri geni a non farcela. Si attribuiscono a fattori congeniti l'alcolismo o le malattie circolatorie degli indigeni australiani e nordamericani delle grandi città, ponendo l'accento quindi sull'aspetto medico, non quello sociale, del problema. Un testo, *The bell curve*, dove si riciclano pari pari le idee ottocentesche di Lombroso per concludere che l'innovazione tecnologica mondiale è ed è sempre stata merito dei bianchi e della loro intelligenza superiore, è diventato un best seller in mezzo mondo. Nel marzo 2005 è apparso con grande evidenza sul New York Times un articolo in cui Armand Marie Leroi (un esperto di vermi nematodi, del quale non si conoscono ricerche sull'uomo) sostiene senza portare uno straccio di dati che le razze umane sono evidenti a tutti; che alcuni scienziati rifiutano di ammetterlo per ragioni squisitamente politiche; e che quando accetteremo la realtà delle nostre differenze razziali ne trarremo benefici: medici, sociali ed estetici (sì, estetici). In tutti questi casi si tratta, al meglio, di ipotesi non provate, o se no di

autentiche sciocchezze, ma vengono presentate e divulgate come dati inoppugnabili. Sono passati solo cinquant'anni dal 1° dicembre 1955, quando i neri di Montgomery, in Alabama, decisero di boicottare gli autobus finché non gli fosse stato permesso di sedersi dove volevano, e poco più di dieci dalla caduta del regime sudafricano di segregazione razziale. Sembra siano passati secoli. Da noi, tanto per dirne una, nel 2003 parlamentari della Lega Nord hanno proposto l'istituzione di vagoni separati, per neri e per bianchi, sulla linea ferroviaria Verona-Brennero.

Verrebbe da pensare che il confluire nello stesso calderone di nuove paure, vecchi luoghi comuni e dati scientifici non semplici da comprendere impedisca di discutere serenamente della natura, delle cause e delle implicazioni della diversità umana. Ma non è proprio così. Sarebbe, questo sì, ingenuo sperare che ragionando meglio sulle differenze fra noi e i nostri simili svaniscano di colpo fenomeni radicati come la xenofobia e il razzismo. Ma almeno due questioni importanti possono e devono essere affrontate in termini scientifici rigorosi, mettendo (temporaneamente) da parte le loro implicazioni politiche. Primo, come si diceva, c'è chi pensa che la nostra specie sia un mosaico di gruppi biologicamente ben distinti, per cui le identità etniche sarebbero antiche e radicate nei nostri geni. E, secondo, da queste differenze biologiche e in definitiva razziali deriverebbero stili di vita necessariamente differenti, diversi livelli di intelligenza o di moralità. In altre parole, ci sarebbero netti confini fra gruppi umani, e si tratterebbe di confini al tempo stesso biologici e culturali, per cui il nostro aspetto e il nostro comportamento, sostanzialmente immutabili, sarebbero entrambi scritti nel nostro DNA. Non ci resterebbe che prenderne atto e rinforzare le difese ai nostri confini. Sono idee vecchie, anzi vecchissime, ma in anni recenti ne abbiamo constatato la sorprendente vitalità. In questo libro sosterrò, al contrario, che per quanto ne sappiamo la parola razza non

identifica nessuna realtà biologica riconoscibile nel DNA della nostra specie, e che perciò non c'è nulla di inevitabile o genetico nelle identità etniche o culturali come le conosciamo oggi. Su questo, la scienza ha idee abbastanza chiare. Le razze ce le siamo inventate, le abbiamo prese sul serio per secoli, ma adesso ne sappiamo abbastanza per lasciarle perdere. Oggi sappiamo che siamo tutti parenti e tutti differenti, secondo un bello slogan coniato dal genetista francese André Langaney, e non c'è bisogno di aver fatto studi approfonditi per convincersene. Sul fatto che siamo tutti differenti (a parte i gemelli identici) nessuno, credo, ha dubbi: basta guardarsi un po' intorno. Quanto al "tutti parenti", bisogna pensarci un po' su. Siamo sei miliardi e mezzo sulla Terra, ma fino ai primi dell'ottocento eravamo meno di un miliardo, e intorno ai 150 milioni (milione più milione meno) duemila anni fa. Ora, come sappiamo bene, ognuno di noi ha due genitori, quattro nonni e otto bisnonni. È raro che qualcuno conosca i propri trisavoli, ma sappiamo che erano 16, e così via. Questo significa che, dieci generazioni fa, circa 250 anni fa, ognuno di noi aveva un migliaio di antenati (1024 per la precisione), ognuno dei quali, a sua volta, aveva un migliaio di antenati 250 anni prima. Allora, facciamo un po' di conti. Ciascuno di noi discende da un milione di antenati vissuti al tempo dei viaggi di Colombo, da un milione di milioni di antenati nell'anno 1000, e parecchi miliardi di miliardi all'epoca di Cristo. Com'è possibile? La risposta è che non è possibile, e cioè che questi sono antenati virtuali e non persone diverse. I matrimoni fra consanguinei restringono il numero di antenati; quando due cugini si sposano, i loro figli avranno 6, e non 8, bisnonni. Perché la nostra genealogia possa star dentro ai limiti della popolazione umana, siamo costretti ad ammettere che moltissimi dei matrimoni da cui attraverso i millenni deriviamo siano matrimoni fra consanguinei, che magari non lo sapevano, ma che comunque discendevano da antenati comuni. Ma il fatto che ciascuno di noi abbia un numero spropositato di antenati

teorici, anche solo mille anni fa, vuol dire soprattutto che molti dei miei antenati erano anche gli antenati di chiunque leggerà questo libro. Non c'è alternativa. Di recente, Douglas Rohde del Massachusetts Institute of Technology ha calcolato che due qualunque di noi hanno un antenato comune vissuto poco più di tremila anni fa. Possiamo scommettere che qualunque sconosciuto è nostro parente, più o meno stretto. Si tratta solo di risalire un po' nel tempo.

Risalendo nel tempo, abbiamo prove fossili e genetiche che la grande famiglia umana discende da un piccolo gruppo, forse qualche migliaio di persone, che centomila anni fa viveva in Africa. Molti dettagli della loro storia ci sono ignoti, ma centomila anni significano che siamo una specie davvero giovane: la vita sulla Terra ha quasi 4 miliardi di anni. Siamo molto mobili: in quei centomila anni, partendo dall'Africa, abbiamo colonizzato tutto il pianeta. Siamo anche una specie fertile, che nello stesso arco di tempo è cresciuta fino agli attuali sei miliardi e passa di membri. E, oltre a tutto, siamo una specie molto ibrida, le cui popolazioni sono sì state isolate, anche per lunghi periodi, ma si sono incontrate e mescolate più e più volte e anche oggi non stanno mai ferme. Tanto per dirne una, in Sicilia c'erano i siculi e i sicani, poi sono arrivati i greci, poi i romani, i bizantini, gli arabi, i normanni, gli angioini, gli aragonesi, i piemontesi... Ognuno ha lasciato qualcosa, e quando i siciliani sono emigrati in America hanno portato con sé l'eredità dei loro antenati, che forse si mescolerà, lentamente, con quella di antenati arrivati dall'Irlanda, dalla Guinea, dal Messico... La biodiversità umana, la somma delle differenze congenite fra tutti noi membri della specie umana, è il prodotto soprattutto di questi fenomeni: mobilità, fertilità, e una spiccata tendenza a ibridarci. In una specie così mescolata, così stratificata, non c'è da stupirsi se oggi ci sono dappertutto, con frequenze diverse, le stesse varianti geniche: dalla culla dell'umanità in Africa orientale alla Siberia, dall'Oceania all'Europa. Sappiamo che

risalendo lungo la nostra genealogia troveremo che i nostri antenati erano tutti africani; sappiamo anche che i nostri geni determinano aspetti importantissimi del nostro aspetto e delle nostre capacità cognitive. Invece non sappiamo affatto se e in che misura le differenze culturali fra popolazioni possano dipendere da differenze genetiche, che comunque (fra serbi e croati; fra tutsi e hutu; fra fiamminghi e valloni, tanto per fare tre esempi che non c'è bisogno di spiegare) sono davvero molto piccole.

Come facciamo a dirlo e cosa tutto questo voglia dire lo scopriremo, se ne avremo voglia, nei prossimi capitoli. Racconteremo una storia che ha aspetti epici e anche fiabeschi, perché è in sostanza la storia di come l'umanità sia riuscita, risalendo indietro nel tempo, a identificare i propri antenati più remoti e a ricostruire la propria vicenda attraverso migliaia di generazioni: generazioni nelle quali, come in molti film di successo, l'eroe, cioè l'umanità, ha sfiorato da vicino il disastro, ma ha la pellaccia dura e alla fine, nonostante tutto, ce l'ha fatta, almeno finora, tanto è vero che siamo qui.

È una storia che possiamo ricostruire perché ne è rimasta traccia nelle nostre cellule. Ben prima dell'invenzione della scrittura, prima dei più antichi reperti archeologici, il nostro DNA registrava gli eventi attraverso cui ci siamo evoluti: noi, così come tutti gli altri animali e vegetali che popolano la terra. La divergenza dalle grandi scimmie, le prime migrazioni umane, le crisi demografiche, le espansioni e la colonizzazione dei cinque continenti hanno lasciato un segno che antropologi e genetisti hanno imparato a decifrare. Ne parleremo a lungo. Al contrario di molti film di successo, non è però chiaro se questa storia abbia un lieto fine. Può darsi di sì e può darsi di no: le tendenze climatiche e demografiche del nostro pianeta non possono non preoccuparci. E poi, in fondo, milioni di specie sono transitate per la terra e alla fine si sono estinte; cos'abbiamo noi di tanto speciale per pretendere un destino diverso? Ma, d'altra parte, il finale, cosa accadrà ai geni e alla cultura che i nostri antenati ci

hanno trasmesso, non sta scritto da nessuna parte e quindi dipende anche da noi. Insomma, la partita è aperta. E allora vale la pena di conoscere la storia delle nostre origini, della nostra diversità e del nostro cammino: perché non si può affrontare seriamente il futuro senza essere consapevoli del nostro passato e di come siamo diventati quello che siamo nel presente.

Note

Il sito <http://www.warnews.it/> fornisce notizie aggiornate sui conflitti in corso nel mondo e una sintesi degli articoli pubblicati sui principali quotidiani. L'ONU offre un bel corso on line, United Nations Cyberschoolbus (<http://cyberschoolbus.un.org/>), su molti temi di attualità; due lezioni (in molte lingue, ma non in italiano) trattano della discriminazione etnica e razziale.

Sull'abuso dell'alcool fra gli indigeni australiani inurbati si trovano molte informazioni sul sito <http://www.healthinfonet.ecu.edu.au/frames.htm>. A quanto ne so, *The bell curve: Intelligence and class structure in American Life* di Charles Murray e Richard J. Herrnstein (Free Press 1994) non è stato tradotto in italiano. L'articolo di Armand Marie Leroi è uscito sul New York Times il 14 marzo 2005, è stato tradotto su Repubblica col titolo "Un albero genealogico in ogni gene" il 22 marzo 2005, e si può scaricare da questo sito: <http://raceandgenomics.ssrc.org/Leroi/>. Sull'esposizione *Tous parents, tous différents* si possono trovare notizie al sito <http://anthro.unige.ch/tptd/fr/>, mentre purtroppo il volume dello stesso titolo di André Langaney (Chabaud Raymond 1992) è ormai esaurito. Al sito <http://desip.igc.org/populationmaps.html> si trovano delle belle mappe che descrivono la crescita della popolazione umana nel corso dei secoli. La simulazione in base a cui è possibile individuare il momento in cui tutta l'umanità ha

avuto un antenato in comune è in D.L.T. Rohde, S. Olson e J.Y. Chank (2004), Modelling the recent common ancestry of all living humans. Nature 431: 562-566; su quanto poco le società umane siano state capaci di programmare il proprio futuro ed evitare disastri demografici e ambientali è interessante (e parecchio inquietante) leggere di Jared Diamond Collasso (Einaudi 2005).

2. Le specie umane

Dove si dimostra che c'è una sola specie umana vivente
ma si fa conoscenza con varie specie umane estinte

È proprio vero che facciamo tutti parte di un'unica specie umana? Oggi ne siamo sicuri, ma non è sempre stato così. Fino ai primi del novecento si è discusso se appartenessimo invece a specie diverse; si chiamavano teorie poligeniste. La parola "boscimane" nasce all'interno di questo contesto: i coloni europei del Sud Africa distinguevano i "men", gli uomini veri e propri, dai "bushmen", gli uomini della boscaglia, che appartenevano secondo loro a una specie separata. Era un ragionamento, se vogliamo chiamarlo ragionamento, basato su una serie di analogie. Come lo studio della natura portava a concludere che l'uomo è superiore a tutte le altre creature, lo studio dell'umanità indicava, ai bianchi che se ne occupavano, un'indiscutibile superiorità dell'uomo bianco su tutti gli altri. Da qui all'idea che a razze differenti corrispondano livelli differenti di inferiorità rispetto ai bianchi il passo è breve, e il passo successivo è immaginarsi che razze di valore talmente diverso non siano razze ma vere e proprie specie, create fin dall'inizio già belle e pronte, tali e quali le conosciamo. Quindi non solo l'uomo non ha relazioni di parentela con le scimmie, ma l'uomo bianco non ha nemmeno relazioni con l'uomo nero. L'umanità vista dall'alto

Questione di prospettiva. Capire se due individui facciano parte della stessa specie è semplice e, volendoci provare, ci sarebbero riusciti anche i sostenitori del poligenismo. Due

mosche sono della stessa specie se, incrociate, generano mosche in grado di riprodursi, mentre il cavallo e l'asino sono due specie diverse perché dal loro incrocio nasce progenie sterile, il mulo e il bardotto. Per quanto riguarda l'uomo, l'esperimento decisivo, vedere se dal matrimonio nascano figli fertili, non c'era neanche bisogno di farlo. La prima nave carica di schiavi africani è arrivata in America del nord nel 1619, e la produzione di figli di sangue misto fra schiave e padroni (un po' meno fra schiavi e padrone) non dev'essere cominciata molto tempo dopo, se all'epoca della rivoluzione americana, nel 1776, già si discuteva su quali diritti accordare alle parecchie persone che non potevano essere messe con sicurezza né fra i bianchi né fra i neri.

Alla fine, si decise di risolvere il problema con leggi che collocavano nella razza inferiore i figli delle unioni miste e definivano come nero chiunque avesse anche solo una goccia di sangue nero ("one drop laws"): "L'incrocio tra un bianco e un indiano è un indiano; l'incrocio tra un bianco e un negro è un negro; l'incrocio tra un bianco e un indù è un indù; e l'incrocio tra una delle tre razze europee e un ebreo è un ebreo". Ma questa è un'altra storia. Qui ci interessa che per due secoli, il XVIII e il XIX, l'imperativo categorico per molti scienziati che si occupavano di diversità umana, prima ancora di comprenderne l'estensione e la natura, era di non dare appigli a chi intendesse spostare in alto ciò che deve stare in basso. Dalla commistione delle razze si paventavano conseguenze che andavano da un banale imbruttimento alla radicale degenerazione della specie. Anche un sostenitore del monogenismo come Arthur de Gobineau, proponendosi di definire le leggi naturali che reggono il mondo sociale, notava che i popoli dell'Asia e dell'Africa sono un "compendio assai triste, bisogna convenirne, di non poche bruttezze", mentre gli europei erano i modelli della Venere, dell'Apollo e dell'Ercole Farnese. La nostra bellezza classica non doveva essere messa a repentaglio da teorie scientifiche e bubbole del genere. L'esperimento è poi proseguito: non in

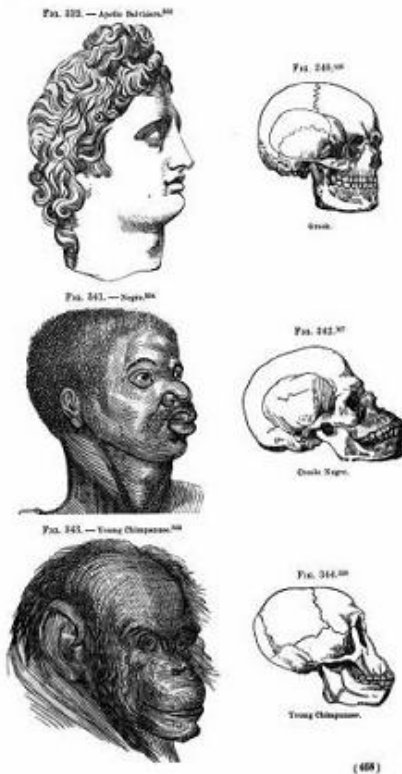
laboratorio, ma nelle metropoli di tutto il mondo, dove gente di origini diverse si è incontrata, ha formato famiglie miste e non ha avuto difficoltà a riprodursi. Anzi: in uno studio molto scrupoloso dei matrimoni nelle Hawaii, dove convivono polinesiani, europei, cinesi, giapponesi e tanti altri, si è visto che c'è non un calo, ma anzi un leggero aumento della fertilità nei figli di genitori di origini differenti. Siamo una sola specie, senza dubbio. Le teorie poligeniste non sono però tramontate tanto presto. Quando già lo studio delle caratteristiche biologiche dell'uomo, l'antropologia biologica, si valeva di metodi statistici sofisticati, il pensiero poligenista era ancora forte negli Stati Uniti, dove l'idea evoluzionista di una parentela fra uomini e scimmie aveva avuto meno difficoltà ad affermarsi dell'idea che gli uomini, bianchi o neri, sono uomini e basta. C'era chi la vedeva così: in Africa ci sono scimpanzé e gorilla, e dunque gli africani saranno parenti dello scimpanzé e del gorilla; in Asia c'è l'orangutan, e dunque gli asiatici saranno parenti dell'orangutan; in Europa... no, in Europa non ci sono grandi scimmie. Pazienza: vorrà dire che per gli europei questa parentela non c'è. Sono gli altri che derivano dalle scimmie, non noi.

La figura 1 riproduce una famosa illustrazione tratta da un testo poligenista americano del 1868, *Indigenous races of the earth*, di Nott e Gliddon. Sulla sinistra troviamo le teste dell'Apollo del Belvedere, di un nero e di uno scimpanzé, sulla destra i tre crani corrispondenti, il primo dei quali è etichettato come "greco". Che la testa dell'Apollo del Belvedere contenga un cranio è stupefacente, ma purtroppo gli autori del disegno non spiegano come siano arrivati, e senza raggi X, a questa scoperta. A loro preme un'altra cosa, cioè dimostrare che nero e scimpanzé si somigliano più di quanto ciascuno dei due somigli ad Apollo: e questo non per l'ottimo motivo che i primi due sono esseri viventi e l'altro è una statua, ma per la loro conformazione cranica. A incoraggiare questa conclusione, Nott e Gliddon hanno deformato il cranio di entrambi e ruotato all'indietro

quello del nero in modo da esaltare la sporgenza della mascella. Nessun cranio umano ha mai avuto una forma del genere. La figura di cui parliamo è un esempio noto di frode scientifica, ma è bene non dimenticarsi di queste pagine oscure. Tutti, compreso chi scrive, portiamo con noi un bagaglio di preconcezioni che possono distorcere il nostro giudizio, soprattutto se non ce ne rendiamo conto.

Nott e Gliddon erano due imbroglioni, ma non è che poi, a metà dell'ottocento, le correnti di pensiero alternative al poligenismo fossero molto più illuminate. La Bibbia dice che l'umanità deriva tutta da Adamo ed Eva, e questo per i poligenisti era un guaio. Se la cavavano immaginandosi diversi Adami, ma era un trucco che non portava molto lontano e li metteva in difficoltà anche con gli esegeti biblici più rigorosi. Ma anche i sostenitori dell'ipotesi alternativa, il monogenismo, avevano le loro gatte da pelare. Comunque la si girasse, bisognava spiegare come mai, dagli stessi Adamo ed Eva, fossero discese razze così inferiori a quella bianca. La soluzione più comune consisteva nel proporre che ci fosse stata una degenerazione, più marcata per i neri, ma anche i gialli non scherzavano. Blumenbach, di cui parleremo fra poco, pensava a una degenerazione bilaterale, i cui estremi erano rappresentati da africani e mongoli, con gli europei in mezzo, miracolosamente salvi. La causa della degenerazione andava ricercata nel clima, il che, in fin dei conti, giustificava un cauto ottimismo. Stephen Jay Gould racconta di come Samuel Stanhope Smith, presidente di quella che sarebbe in seguito diventata l'Università di Princeton, si augurasse che, alle temperature rigide del New Jersey, alla lunga i neri finissero per diventare bianchi.

Figura 1. Una illustrazione da J.C. Nott e G.R. Gliddon, *Indigenous races of the earth* (J.B. Lippincott, Philadelphia 1868). Cosa ci dicono i fossili



Comunque, almeno su questo, oggi non ci sono dubbi: sulla terra c'è un'unica specie umana. Ma non è sempre stato così. I reperti fossili ci raccontano di una grande varietà di forme estinte. Ci sono ottimi motivi per credere che intorno a 50 mila anni fa ci fossero in giro almeno tre specie umane diverse e forse nel 2005 abbiamo scoperto, nell'isola di Flores in Indonesia, che ce n'era una quarta.

Ma andiamo con ordine. Bisogna tener presente che il concetto di specie diventa per forza vago quando si parla di resti incompleti, distribuiti sopra un territorio vasto quanto il vecchio continente, Africa ed Eurasia, e lungo un arco di tempo di alcuni

milioni di anni. In molti casi i paleontologi hanno a disposizione frammenti d'osso molto piccoli, talvolta addirittura singoli denti. Perciò i nomi che si danno a questi reperti sono in qualche misura arbitrari, e spesso è impossibile stabilire se un nuovo reperto rappresenti una nuova specie, o piuttosto una variante di una specie già nota. Alcune definizioni sono però largamente accettate e le ho riassunte in tabella 1.

Tabella 1

Chi Dove Quando

Statura

(maschio

adulto)

Volume

cranico

Australopithecus

afarensis Est Africa 3,9 - 3,0

milioni di anni fa 1,50 430cc

Australopithecus

africanus Sud Africa 3,5 - 2,3

milioni di anni fa 1,50 420-500cc

Australopithecus

boisei Est Africa 2,1 - 1,2

milioni di anni fa 1,40 530cc

Australopithecus

robustus Sud Africa 2,6 - 1,2

milioni di anni fa 1,30 550-600cc

Homo habilis Est Africa 2,4 - 1,5

milioni di anni fa 1,30 800cc

Homo ergaster Est Africa 1,9 - 1,2

milioni di anni fa 1,85 750-1250cc

Homo erectus Asia 1,8 - 0,5

milioni di anni fa 1,70 900-1300cc

Homo georgicus Caucaso 1,8
milioni di anni fa 1,50 800cc
Homo
heidelbergensis Europa 780.000-100.000
anni fa 1,70 1200cc
Homo sapiens
neanderthalensis
Europa,
Medioriente,
Asia occidentale
250.000-30.000
anni fa 1,70 Fino a 1600cc
Homo floresiensis Indonesia Fino a 18.000
anni fa 1,00 420cc
Homo sapiens Africa
poi tutto il mondo
Da 100.000 anni fa 1,60 - 1,90 1000-1500cc
Principali forme umane documentate nei fossili.

Altre specie sono state proposte e le datazioni risentono dell'ambiguità nella definizione delle specie e nell'attribuzione dei singoli fossili alle varie specie.

I più antichi resti umani, attribuiti a diverse specie di australopiteco, fra cui la famosissima Lucy, sono concentrati in una fascia che corre parallela alla costa orientale dell'Africa, dall'Etiopia fino al sud Africa. Questi fossili appartenevano a creature senza coda, che camminavano sugli arti posteriori, e la cui dentatura aveva caratteristiche già umane; la loro età sta fra i 4 e i 2 milioni di anni. Risparmio ai lettori la complicata, e a mio parere inconcludente, diatriba su cosa sia un essere umano e da che punto in poi si possa cominciare a usare questo termine. Ci sono diverse definizioni. A seconda dei gusti, si può cominciare a parlare di umanità quando sparisce la coda; o quando gli

scheletri dimostrano che abbiamo smesso definitivamente di andare a quattro zampe; o quando insieme con questi scheletri troviamo pietre lavorate in modo da farne utensili; o quando diventa evidente che sapevamo conservare o accendere il fuoco. Oppure c'è chi pensa che sia la parola, il linguaggio, a definire il limite fra creature umane e non umane: rimedio peggiore del male, mi pare, perché se e come parlassero i nostri remoti antenati è impossibile stabilirlo. Insomma, non disponiamo dei dati necessari per scegliere una teoria a scapito di tutte le altre. In ogni caso, anche i reperti più antichi attribuiti concordemente al genere a cui apparteniamo, il genere Homo, sono tutti in Africa, e databili a un periodo intorno a un milione e mezzo o due di anni fa. Quello che è considerato il primo Homo, Homo habilis, è documentato nell'Africa dell'est, da un po' prima di 2 milioni di anni fa a circa un milione e mezzo. Per molti versi, se ci capitasse di incontrarlo adesso, sarebbe difficile riconoscerlo come umano. Era alto un metro e trenta, pesava probabilmente meno di 40 chili; aveva una faccia molto larga, la fronte bassissima, un bacino più grande del nostro in proporzione, e le spalle strette. Ma Homo habilis faceva qualcosa che nessuno scimpanzé è in grado di fare.

Gli scimpanzé hanno un limite intellettuale: non riescono a pianificare le loro attività al punto di servirsi di utensili per costruire altri utensili. Sono stati fatti esperimenti, offrendo loro una banana appesa in alto, sempre più difficile da raggiungere. Quando alla banana non riescono più ad arrivarci, neanche saltando, ma per terra c'è un bastone, gli scimpanzé prendono il bastone e con quello colpiscono la banana facendola cadere. E se il bastone non c'è, ma c'è un grosso ramo, troppo frondoso per potersene servire direttamente, gli scimpanzé capiscono che devono ripulirlo dai rametti fino a che riescono a sollevarlo e a colpire la banana. Sempre più difficile: nell'esperimento successivo i rametti sono troppo grossi per poterli spezzare con le mani, ma per terra c'è una pietra con cui lo scimpanzé

potrebbe aiutarsi. Ecco: questo è troppo complicato per loro. La pietra è ben visibile, ma lo scimpanzé non arriva a capire come servirsene. Al massimo, dopo aver cercato invano di spezzare i rametti con le mani, al colmo della frustrazione prende la pietra e la lancia contro la banana. Il loro pensiero non va abbastanza lontano da permettergli di progettare il bastone; a quanto pare, usare un utensile per costruire un altro utensile è troppo complicato per loro. Homo habilis, invece, si costruiva pietre taglienti sbattendole contro altre pietre.

Esistono pochi fossili di Homo habilis, il che ci fa pensare che questo gruppo di umani non abbia avuto una grande diffusione. Di recente però sono stati ritrovati in Georgia, nel Caucaso, resti di una creatura simile a loro, di piccola statura come loro e vecchia più di un milione e mezzo di anni. Dunque, già a uno stadio molto precoce della storia dell'uomo c'era chi era riuscito a spingersi lontano dalla madrepatria africana. Ma sono gli eredi di Homo habilis ad aver per primi colonizzato mezzo mondo.

Intorno a due milioni di anni fa la terra si raffredda e diventa più arida. Si forma una regione deserta nel nord dell'Africa, e si riducono le foreste nelle zone abitate da Homo. In queste regioni ai margini delle foreste si ritrovano i resti di Homo ergaster, le prime forme di scheletro che assomiglia a quelle di un corpo umano moderno. Il bacino di Homo ergaster è ridotto, il che gli permette di camminare meglio su due gambe. Ma questo cambiamento porta con sé due conseguenze importanti: da un lato, i polmoni si espandono verso l'alto, e perciò le spalle si allargano e il suo torace assume la forma dei toraci moderni; dall'altro, partorire attraverso un bacino così stretto diventa difficile. E diventa ancora più difficile perché ergaster, oltre a essere più alto, ha anche, in proporzione, un cranio più grande dei suoi predecessori. Da questa difficoltà deriva una delle caratteristiche che più hanno pesato nell'evoluzione dell'uomo. I piccoli scimpanzé nascono con un cranio ben formato, dentro a cui c'è un cervello già sviluppato. Le femmine di ergaster

mettono invece al mondo piccoli immaturi, che non potrebbero sopravvivere senza la protezione dei genitori. Da quel momento in poi, si stabilisce un rapporto duraturo fra genitori e figli. Si sviluppano legami sentimentali che rinforzano il gruppo e consentono lo scambio di grandi quantità di informazioni. La nascita di prole immatura, che avrebbe potuto rappresentare un handicap rispetto ad altre specie i cui piccoli sono autonomi praticamente fin dalla nascita, si rivela un formidabile fattore evolutivo perché obbliga a stretti rapporti familiari e così pone le basi per l'intensa trasmissione culturale, tipica della nostra specie.

La fase in cui compaiono le caratteristiche anatomiche moderne è complessa, e non tutti i paleontologi sono d'accordo sull'attribuzione dei diversi crani alle diverse specie. Non sono chiari i confini fra quello che abbiamo chiamato *Homo ergaster* e *Homo erectus*, tanto che secondo alcuni *ergaster* sarebbe la varietà africana di *erectus* e non una specie differente (in tabella 1 si nota come in effetti molte caratteristiche anatomiche dei due si sovrapponessero). Non è il caso di entrare troppo nel dettaglio: qui chiameremo *Homo erectus* gli individui ritrovati in Asia, in particolare nell'isola di Giava e in Cina (anche noti come uomo di Giava e uomo di Pechino, rispettivamente). L'aspetto che ci interessa per questa storia è che poco meno di due milioni di anni fa una specie umana si era già spinta fino nell'Asia orientale: a *Homo erectus* viene attribuita la prima grande diaspora dell'umanità. Sappiamo molto poco di come fossero fatti i primi umani che lasciarono l'Africa perché non ne sono stati ritrovati resti in tutto il tratto che va dall'Etiopia alla Cina; Ian Tattersall pensa che assomigliassero a *Homo ergaster*. È possibile che siano usciti dall'Africa non solo attraverso il Sinai e la Palestina, ma anche passando direttamente dal corno d'Africa all'Arabia, che all'epoca non erano separate dal mare. Le tecnologie di cui disponevano non erano particolarmente sofisticate, ma è provato che *Homo erectus* sapeva conservare il fuoco e forse anche

produrlo. E l'Europa? I più antichi fossili trovati finora sono datati intorno a 800 mila anni fa. Assomigliano a Homo ergaster, vengono dalla Spagna e probabilmente rappresentano una popolazione proveniente dal nord Africa che si è estinta senza spingersi più in là della penisola iberica. Se è andata così, i primi veri europei sono stati altri: quelli che hanno lasciato fossili a partire da 780 mila anni fa in Grecia, Francia, Germania e Inghilterra, oltre che a Ceprano, vicino a Roma. Provenivano dall'Africa attraverso il Medioriente, hanno qualcosa (o molto, secondo alcuni) in comune con l'erectus asiatico, e sono classificati come Homo heidelbergensis. Queste popolazioni, o una di loro, sono gli antenati di una delle forme umane arcaiche più note, l'uomo di Neandertal. Molto è stato scritto sui Neandertal, sia da scienziati, sia da letterati che li hanno rappresentati di volta in volta come un popolo brutale o, al contrario, come creature miti e pacifiche, incapaci di difendersi dai loro più aggressivi antagonisti fatti come noi. Di certo, i Neandertal sono stati la forma umana tipica dell'Europa e dell'Asia occidentale fino a 40 mila anni fa: fino al momento in cui, con l'arrivo in Europa di umani anatomicamente moderni, sono rapidamente scomparsi. Nei duecentomila anni e passa della loro permanenza, il clima dell'Europa e dell'Asia occidentale è stato sottoposto a periodici sbalzi, a periodi glaciali, durante i quali si estendevano le calotte polari e le temperature si abbassavano, per poi risalire nei periodi interglaciali. Rispetto ai loro snelli antenati heidelbergensis, i Neandertal avevano un fisico più robusto, ben adattato ai climi freddi, con gambe corte e naso largo. Avevano anche una vasta scatola cranica, che poteva contenere cervelli grandi quanto gli attuali, e, anzi, a volte un po' più grandi. Che pensieri ospitassero questi cervelli, come i Neandertal si rappresentassero il mondo, è difficile dire. Per alcuni anni gli antropologi hanno pensato che non potessero parlare, ma questa idea è tramontata dopo una riconsiderazione più attenta del loro osso ioide, un osso del collo

da cui si può capire che forma avesse la laringe, e che non è diverso dal nostro. I Neandertal occasionalmente seppellivano i morti, e in alcune sepolture si sono trovate conchiglie e polline che hanno fatto pensare a qualche forma di culto funerario. È vero però che queste manifestazioni culturali più sofisticate sono documentate solo in popolazioni neandertaliane che vivevano a contatto con popolazioni anatomicamente moderne, quelle che in Europa hanno preso il nome di cro-magnoidi, dal sito francese in cui i loro primi resti sono stati identificati. Perciò è probabile che i neandertaliani copiassero dai cro-magnoidi, i quali erano gente più o meno come noi: per dirla con Steve Jones, se un cro-magnouide ci si sedesse di fianco forse cambieremmo posto, ma se lo facesse un Neandertal scenderemmo dal treno. Fatto sta che questi uomini anatomicamente moderni arrivano in Europa intorno a 40 mila anni fa, anche loro attraverso il Medioriente. In un lasso di tempo relativamente breve, restano solo loro mentre i Neandertal scompaiono. Forme umane anatomicamente moderne si sono diffuse rapidamente in tutto il mondo: la loro presenza è documentata in Asia a partire da 65 mila anni fa, e in seguito in Australia e nelle Americhe. Torneremo ancora a parlarne.

Per il momento, i fossili ci dicono che si sono susseguite varie forme umane, nel corso del tempo è aumentato il volume cranico e in parallelo sono progredite le nostre capacità intellettive, come dimostrato anche dagli utensili, che testimoniano di tecnologie più articolate e di organizzazioni sociali via via più complesse. Ma l'evoluzione umana non è stata lineare. Ci sono state diverse ondate di uscita dall'Africa, e ci rimangono resti di forme umane con caratteristiche molto diverse dalle nostre distribuiti un po' in tutto il vecchio mondo: forme umane che si sono evolute e poi probabilmente sono scomparse senza lasciare discendenti. Non abbiamo, forse non avremo mai, un quadro completamente esauriente della situazione, perché i reperti a disposizione sono pochi, e non è probabile che diventino molti di più: di questo

processo molto complicato riusciamo a ricostruire solo le grandi linee. Ma in definitiva è chiaro che, attorno a centomila anni fa, la terra era occupata da forme umane diverse fra loro. In Africa e nel Medioriente si trovano scheletri come i nostri, che è possibile attribuire alla nostra specie, Homo sapiens, in Europa c'era l'uomo di Neandertal, in Asia c'era Homo erectus, e (scoperta recente) 18 mila anni fa nell'isola di Flores, in Indonesia, c'erano umani di piccole dimensioni, che sono stati battezzati Homo floresiensis. A pensarci bene, l'evoluzione ci ha risparmiato un bel po' di problemi morali: non sarebbe stato uno scherzo decidere se a un'altra specie umana, simile a noi ma distinta, vadano dati gli stessi nostri diritti, o se invece è meglio affidarla all'Ente Protezione Animali. Oggi comunque nessuno può scambiare in buona fede uno di noi per un membro di una specie differente. Oggi il problema è capire quanto siamo differenti al nostro interno, e cosa significhino queste differenze. È una domanda vecchia come l'umanità, come capiremo nel prossimo capitolo.

Note

La frase tra virgolette che commenta le one-drop law s viene da M. Grant, *Passing of the Great Race or T he racial basis of European history*, ripubblicato nel 1970 da Ayer Company Publishers, Manchester: un testo del 1916 nel quale si invocano provvedimenti atti a scongiurare l'estinzione degli americani bianchi per effetto dell'immigrazione. Sui pregiudizi di cui tutti siamo al tempo stesso artefici e vittime si può leggere C. Fine, *A mind of its ow n: How your brain distorts and deceives* (Icon Books 2006). La traduzione italiana del Saggio sulla

disuguaglianza delle razze umane di Arthur de Gobineau, uscito in francese fra il 1853 e il 1855, è pubblicata da Rizzoli (1997); le citazioni vengono dalle pagg. 242-250. T he mismeasure

of Man (Norton 1981) di Stephen Jay Gould è tradotto in italiano col titolo *Intelligenza e pregiudizio: le pretese scientifiche del razzismo* (Editori Riuniti 1985); ho trovato l'aneddoto su Samuel Stanhope Smith a pag. 39 dell'edizione americana. Lo studio della fertilità nei matrimoni alle Hawaii è in C.S. Chung, M.P. Mi e N.E. Morton, *Genetics of interracial crosses in Hawaii* (Karger 1967). Per alcuni aneddoti mi sono rifatto a un articolo di Brent Staples, "Why race isn't as black and white as we think", pubblicato dal New York Times il 31 ottobre 2005.

In *Extinct humans*, di Ian Tattersall e Jeffrey Schwartz (Nevraumont 2001) si trova un'ampia, ben illustrata descrizione delle varie specie umane documentate da resti fossili. Per un

diverso punto di vista rimando al capitolo 14 di J.H. Relethford, *The human species*, 6th edition. (McGraw Hill 2005). Due libri in italiano che coniugano chiarezza e rigore scientifico sono *Il codice Darwin*, di Gianfranco Biondi e Olga Rickards (Codice 2005) e *Homo sapiens* di Giorgio Manzi (Il Mulino 2006).

Un magnifico sito in cui ci sono notizie sulle specie umane estinte, immagini di crani e ricostruzioni è quello della BBC:

http://www.bbc.co.uk/sn/preistoric_life/human/human_evolution/.

Altro bellissimo sito è quello di Nova, il programma scientifico della Public Television americana (<http://www.pbs.org/wwwgbh/nova/neanderthals/>), dove si possono confrontare fra loro

crani di neandertaliani e Cro-Magnon e scoprire qualcosa sul DNA di questi antichi umani. Sull'uomo di Flores si possono leggere due articoli sul Corriere della Sera del 21 ottobre 2004 e

su Repubblica del 14 ottobre 2005, oppure di Marta Mirazón Lahr e Rob Foley (2005), *Human evolution was small*, *Nature* 431:1043-1044.

Ho tratto l'esempio dei limiti cognitivi degli scimpanzé da un libro di Danilo Mainardi, *L'animale culturale* (Rizzoli BUR 1975).

Sui dilemmi morali posti dall'eventuale presenza, insieme a noi, di un'altra specie umana, consiglio vivamente di Larry Slobodkin,

Complexity and Simplicity in Games of the Intellect (Harvard University Press 1992) dove si parla letteralmente di tutto e perciò anche di questo. Fra i testi letterari sui Neandertal ci sono di H.G. Wells, The grisly folk (nelle Complete short stories, Phoenix Press 2001, sono venute a sapere di una traduzione italiana dal titolo L'orribile gente, ma nulla di più); di William Golding, The Inheritors (Harvest Books 1963; non mi risulta che sia tradotto in italiano); e di Alberto Oliverio, ormai quasi introvabile, Neanderthal (Leonardo 1993).

3. Dalla Creazione al Progetto Genoma Umano

Dove si percorre a spron battuto la storia della biologia evoluzionistica e della genetica I primi miti

Lo studio dei fossili umani comincia nell'ottocento, col ritrovamento a Engis, in Belgio, e poi nella valle di Neander, in Germania, dei primi crani di una forma umana che dalla valle di Neander hanno tratto il loro nome: i Neandertal. Ma la domanda: "Chi siamo e da dove veniamo?" è vecchia come l'uomo. Allora cominciamo dal principio. Al principio c'è la creazione. Per secoli e secoli l'umanità si guarda intorno e si rende conto che la terra è popolata da tantissime specie diverse, e da tantissimi individui diversi in ogni specie: si interroga sulla loro origine, e in generale sulle origini della vita. Ma è difficile trovare buone risposte. Certo, ci sono Democrito, Lucrezio, Aristotele e altri che provano a interpretare l'universo in chiave materialistica. Dispongono di cervelli brillanti, ma di pochissimi dati: non possono arrivare molto lontano. Perciò per millenni, per tutti o quasi, l'universo, e gli organismi che lo abitano, sono frutto di un atto creatore divino: la natura non si spiega senza cause soprannaturali. E l'uomo, nella natura, ha un ruolo molto privilegiato.

Alla fine del seicento botanici e zoologi cominciano a descrivere più precisamente le affinità e le differenze fra i viventi. E c'è chi, con John Locke e Gottfried Leibnitz, pensa a una continuità che unirebbe le forme inanimate alle forme viventi più semplici, e queste alle più complesse, e queste (chissà) anche a forme sconosciute, dotate di poteri intellettuali o sensoriali più

grandi dei nostri. È l'Anima mundi, la Grande Catena dei Viventi. Siamo ancora ai margini della scienza, ma si incomincia a pensare che le varie specie, noi compresi, siano, in qualche modo tutt'altro che chiaro, imparentate fra loro.

Intanto vengono alla luce i primi fossili: mammut, orsi delle caverne, tigri dai denti a sciabola. La loro scoperta solleva interrogativi. Certo, sono un po' come gli animali di adesso, ma non sono certo gli stessi. Dove sono finiti, perché sono scomparsi? E che rapporti hanno con gli animali di adesso, che gli assomigliano così tanto? Nel 1785 David Hutton presenta la sua teoria uniformitaria al meeting della Royal Society di Edimburgo. Gli stessi fenomeni che nel passato hanno determinato la biodiversità fossile, propone Hutton, continuano ad agire nel presente e spiegano la biodiversità attuale. In altre parole, la comparsa e la scomparsa delle creature fossili dipende dalle stesse forze (Hutton non sa definirle meglio) che continuano ad agire sulle specie odierne, e a generare sempre nuove differenze.

Hutton non ha, e non potrebbe avere, le idee troppo chiare. Ma il suo contributo è fondamentale perché suggerisce un metodo di studio: non possiamo viaggiare nel tempo per sapere cos'è avvenuto alle specie estinte, ma possiamo capire qualcosa su di loro osservando come variano le specie presenti e cosa le fa variare. Il passaggio successivo è merito di Georges Buffon, che in pieno illuminismo capisce che le rocce hanno età diverse e pone così le basi per dare un'età ai resti fossili che vi si trovano. Buffon arriva a concludere che la terra ha almeno centomila anni (oggi sappiamo che ne ha cinque miliardi), non si fa impaurire dalla reazione sdegnata di chi considera quella cifra un'esagerazione (la Bibbia parla di seimila anni), e sviluppa l'idea di una trasformazione progressiva degli esseri viventi nel corso del tempo. Ecco cosa scrive: "Non sarebbe impossibile che [...] tutti gli animali del mondo nuovo fossero gli stessi di quelli dell'antico, dai quali sarebbero derivati; si potrebbe dire che

essendo stati separati, in seguito, da mari immensi o da terre impraticabili, col tempo avranno subito tutti gli effetti d'un clima [...] e dopo un certo periodo di questa influenza saranno cambiati". Le specie cambiano

Il concetto di cambiamento è fondamentale. Fino a Hutton e Buffon nessuno aveva messo in dubbio apertamente che tutte le creature dell'universo fossero comparse belle pronte, così come le vediamo intorno a noi o come emergono dagli scavi paleontologici. Al massimo potevano estinguersi, ma erano tutte presenti a partire dalla Creazione. Adesso si comincia a pensare che invece no, che attraverso i secoli, nel passaggio dal mondo antico a quello nuovo, come dice Buffon immaginandosi una serie di diluvi universali, siano avvenuti dei cambiamenti. È

un ottimo punto di partenza, anche se ci vorrà ancora qualche anno perché si cominci a sentire la parola evoluzione.

Un ulteriore, sostanziale passo avanti ce lo fa fare JeanBaptiste Lamarck, il cui triste destino è di essere ricordato sui libri di scuola come uno che aveva torto, contrapposto a Darwin che aveva ragione. In realtà le cose non sono così semplici. Darwin aveva senz'altro più ragione di Lamarck, ma Lamarck è stato un suo serio precursore, anche se qualche errore l'ha commesso. Infatti Lamarck pensava, come Buffon peraltro, che la vita avesse origine di continuo dalla materia inanimata: panni sporchi lasciati in cantina generano topolini e cose del genere. Si sbagliava: la vita come la conosciamo noi ha avuto un'origine sola vari miliardi di anni fa, i panni sporchi non generano niente e i topolini in cantina ce li ha lasciati la loro mamma. Però Lamarck è stato il primo a proporre che organismi simili siano discesi, con modifiche, da antenati comuni, e che sia stato l'ambiente a guidare il cambiamento, da forme semplici a forme sempre più complesse. E qui aveva proprio ragione. Si sbagliava però su come l'ambiente diriga il cambiamento: pensava che se un organismo si modifica nel corso della sua vita per adattarsi alle condizioni ambientali, se diventa più robusto, o più alto, o

più veloce, le caratteristiche così acquisite passano poi ai suoi discendenti. Si chiama teoria dell'uso e del disuso; non se l'è inventata lui (prima, ne aveva parlato anche il nonno di Darwin, Erasmus) e non funziona. L'esempio tipico è quello del collo delle giraffe, che si sarebbe allungato stabilmente, ereditariamente, in seguito agli sforzi per raggiungere le foglie più alte degli alberi, da parte di alcune giraffe ancestrali. Tutti sanno che non è andata così, mentre pochi sanno che Lamarck in realtà riprende l'idea da Erasmus Darwin. Insomma, senza il bistrattato Lamarck, senza i suoi studi e le sue giraffe che in realtà non sono neanche sue, Charles Darwin avrebbe avuto vita ben più difficile. L'evoluzione di Darwin

E poi, prima che arrivi Darwin, c'è Thomas Robert Malthus con la sua lotta per la sopravvivenza. Le popolazioni hanno dimensioni più o meno costanti, dice Malthus, ma a ogni generazione nascono molti più individui di quelli necessari a rimpiazzare i loro genitori. Perciò molti di loro sono destinati a perire senza essersi prima riprodotti. In questo modo, la natura seleziona pochi fortunati a partire da numeri molto grandi di individui in strenua competizione fra loro. Darwin rimane colpito dall'idea. Nel corso dei suoi viaggi ha raccolto una mole impressionante di osservazioni su tante specie animali e vegetali. Ha notato anche lui che in generale le risorse sono scarse, e che perciò le popolazioni crescono non tanto quando nascono più individui, ma quando aumenta il numero di quelli che riescono a sopravvivere fino all'età della riproduzione. Dalla lettura di Malthus Darwin conclude che l'evoluzione dipende soprattutto dalla mortalità, il che è particolarmente evidente nel caso di eventi traumatici come carestie ed epidemie. Di suo, Darwin ci aggiunge che questa mortalità non è distribuita a caso nella specie, perché nella competizione non si parte tutti alla pari. Ci sono individui con caratteristiche più favorevoli in quel particolare ambiente, che tenderanno a prevalere, mentre gli altri avranno maggiori difficoltà a sopravvivere e a riprodursi. In

questo modo, chi porta caratteristiche che garantiscono una sopravvivenza più facile in quel particolare ambiente lascia anche più discendenti e così queste caratteristiche si diffondono nelle specie. È la selezione naturale. Darwin la confronta con qualcosa che sembra, ma non è, molto diverso, e che lui battezza selezione artificiale. All'interno della variabilità naturale delle specie domestiche, ci sono alcuni cani, alcuni cavalli che hanno caratteristiche particolari, per esempio sono più veloci, o più robusti. Gli allevatori incrociano fra loro solo questi individui, scartano gli altri, e dopo alcune generazioni quelle caratteristiche si sono accentuate. Lo stesso avviene in agricoltura, con la selezione di varietà di piante più resistenti ai parassiti o più ricche di zuccheri. La selezione naturale, intuisce Darwin, fa quello che gli allevatori fanno coi loro incroci controllati: attraverso l'eliminazione progressiva o la ridotta capacità di riprodursi dei meno adatti, le caratteristiche delle specie cambiano attraverso il tempo e diventano più consone all'ambiente in cui le specie vivono.

È uno dei due concetti-chiave dell'evoluzione, l'adattamento all'ambiente. All'altro, la discesa con modifiche da antenati comuni, come abbiamo visto ci era già arrivato Lamarck, e Darwin lo riassume così in una famosa lettera al naturalista Jenyns: "La conclusione generale a cui sono giunto, lentamente, partendo dalla convinzione opposta, è che le specie sono mutevoli, e che specie simili discendono insieme da antenati comuni". Fatto sta che dopo un secolo e mezzo dalla pubblicazione del testo fondamentale di Darwin, l' *Origine delle specie*, nel 1859,

la teoria darwiniana dell'evoluzione rimane alla base della biologia moderna ("nulla in biologia ha senso al di fuori dell'evoluzione": sono parole di un grande genetista del XX secolo, Theodosius Dobzhansky) e rappresenta il principale contributo della biologia alla cultura mondiale. Conviene usare le parole di Darwin per riassumerla: "È interessante contemplare un

argine, coperto da piante di molti tipi differenti, con uccelli che cantano nei cespugli, vari insetti che svolazzano e vermi che strisciano nella terra umida, e capire che queste forme elaborate, così diverse l'una dall'altra e dipendenti l'una dall'altra in modi così complessi, sono state tutte prodotte dalle leggi naturali che agiscono intorno a noi. Queste leggi, prese in senso ampio, sono la Crescita con Riproduzione; la Trasmissione ereditaria, che è praticamente implicita nella riproduzione; la Variabilità dovuta all'azione diretta e indiretta delle condizioni esterne e all'uso e disuso; e un Tasso di crescita così alto da condurre alla Lotta per la sopravvivenza, e dunque alla Selezione naturale, che porta alla divergenza dei caratteri e all'estinzione delle forme meno adatte. Così, dal conflitto implicito nella natura, dalla carestia e dalla morte, deriva direttamente il più alto risultato concepibile, la comparsa degli animali superiori. C'è grandezza in questa idea della vita, con i suoi diversi poteri soffiati all'inizio in poche forme, o una sola; e nel fatto che, mentre il Pianeta è andato ruotando per effetto della legge di gravità, da un punto di partenza tanto semplice innumerevoli forme, bellissime e meravigliose, si siano andate evolvendo e continuino a evolversi". Certo, Darwin non sapeva tutto. In particolare non sapeva, non poteva sapere, la genetica. Quando parla della variabilità accenna, lamarckianamente, all'uso e al disuso, il che dimostra come gli sfuggisse un aspetto fondamentale della trasmissione ereditaria (ma anche quanto poco dogmatico fosse il suo pensiero). Le regole della trasmissione ereditaria, le leggi della genetica, le stava scoprendo Gregor

Mendel, in Moravia più o meno nello stesso periodo, ma Darwin non lo sapeva. Ci sono molte storie, probabilmente false, su manoscritti inviati a Darwin e ritrovati intonsi alla sua morte. Di fatto, Darwin riceveva e scriveva più di mille lettere all'anno e forse non leggeva proprio tutto quello che gli arrivava. Se davvero, come si vocifera, Mendel gli mandò il suo articolo e Darwin non lo lesse, ci rimisero tutti e due: Darwin, a cui mancò

fino alla morte un tassello fondamentale per la sua teoria, la comprensione esatta delle regole per cui le caratteristiche ereditarie si trasmettono attraverso le generazioni, e Mendel, le cui scoperte passarono inosservate fino a che, ai primi del novecento, tre diversi ricercatori non le riscoprirono da soli.

La combinazione della teoria darwiniana dell'evoluzione e della moderna genetica è quello che oggi chiamiamo nuova sintesi o neodarwinismo. Nonostante alcune reazioni iniziali negative e indispettite (celebre, fra tutte, quella del naturalista di Dublino Haughton, secondo cui tutto ciò che si trovava di nuovo nelle pagine di Darwin era falso, e tutto ciò che era vero era vecchio), il pensiero darwiniano ha avuto un successo rapido e totale. È vero: si continua a polemizzare sull'evoluzionismo. Si parla poco dell'uomo nell'Origine delle specie, ma l'idea che la nostra specie sia comparsa per effetto delle stesse leggi naturali che hanno portato all'evoluzione di tutte le altre risulta difficile da digerire, ed è stato subito così, fin dal primo momento. Anche oggi, varie sette fondamentaliste cercano di screditare, con libri e siti web, il concetto di evoluzione. Sono soprattutto gruppi protestanti degli Stati Uniti, ma anche il mondo islamico non scherza. Di recente poi, in polemica con alcune pagine sagge ed equilibrate scritte da Giovanni Paolo II, alcuni settori cattolici si sono uniti alla campagna antidarwiniana, culminata, almeno finora, nell'articolo che Christoph Schonborn, un autorevole prelato viennese, è riuscito a pubblicare sul New York Times : un articolo molto arrogante in cui si sostiene che abdica all'intelligenza ed è un cattivo scienziato chi non riconosce nel mondo biologico il disegno di Dio. Nonostante queste intemperanze, non si può negare che il neodarwinismo abbia avuto pieno successo. Nessuno, credo neanche il vescovo di Vienna, si stupisce che ogni anno le farmacie mettano in vendita un vaccino diverso contro l'influenza: ma i meccanismi con cui il virus influenzale si evolve e ci costringe a sviluppare nuovi vaccini sono esattamente quelli descritti da Darwin, che pure dei

virus ignorava l'esistenza. Insomma, l'evoluzione c'è stata e continua ad avvenire: grazie a Darwin e ai suoi predecessori abbiamo capito come, e oggi non esiste una biologia non darwiniana. Le polemiche antievoluzioniste, che hanno avuto inopinate conseguenze anche sui programmi

delle scuole italiane, nascono in ambienti dell'estremismo fondamentalista religioso che con la scienza non c'entrano niente. Ma per capire l'importanza della genetica conviene tornare all'esempio delle giraffe. Si possono fare esperimenti per controllare se veramente l'uso e il disuso hanno conseguenze ereditarie, come sosteneva Lamarck. Questi esperimenti dimostrano che non è così, e non c'è bisogno di farli sulle giraffe, che sono ingombranti e mangiano tanto. Basta prendere dei topolini, tagliare loro la coda e farli riprodurre. Anche dopo venti generazioni, nonostante il disuso totale, i topolini continueranno a nascere con la coda.

Come si sia potuto evolvere il collo delle giraffe l'ha intuito Charles Darwin e l'hanno confermato gli studi più recenti di genetica e biologia molecolare. In genere la variabilità, dice Darwin, preesiste: non è generata dall'uso e dal disuso di un certo organo. Per quanto si sforzino di arrivare ai rami più alti, le giraffe riusciranno, al massimo, ad allungare il proprio collo, non quello dei loro discendenti. La variabilità viene prima: le giraffe nascono con colli di lunghezza differente, sia oggi sia in passato. Questa variabilità è ereditaria: da giraffe con colli lunghi nascono mediamente figli con colli lunghi, da quelle con colli relativamente corti figli con colli più corti. I primi avranno un piccolo vantaggio

perché, quando tutte le foglie sui rami bassi delle piante saranno finite, loro potranno mangiare anche quelle che stanno un po' più in su. Queste giraffe, dunque, sfrutteranno meglio una risorsa ambientale grazie a una loro caratteristica ereditaria, il collo più lungo. L'ambiente, ci spiega Darwin, non crea la variabilità, ma, all'interno della variabilità esistente, sceglie le

caratteristiche che, in un certo momento, funzionano meglio. Se solo le giraffe più adatte all'ambiente, cioè col collo mediamente più lungo, riescono a riprodursi; se quelle col collo più corto vengono progressivamente eliminate nella lotta per la sopravvivenza, a ogni generazione i loro discendenti avranno colli che funzioneranno po' meglio, mentre i colli meno adatti spariranno dalla circolazione. Questa è, né più né meno, la selezione naturale.

La genetica di Mendel

Le leggi scoperte da Mendel, le leggi della genetica, descrivono come avvenga la trasmissione ereditaria. Negli anni quaranta del novecento arriva la dimostrazione che la molecola dell'eredità è il DNA. C'è tanto materiale, tanti tipi di molecole diverse, nelle nostre cellule: zuccheri e grassi e proteine e DNA. Qualcuna di queste molecole deve per forza contenere l'informazione ereditaria, ma Mendel non sapeva quale. Avery, McLeod e McCarthy dimostrano che le caratteristiche ereditarie del batterio della polmonite dipendono dalla presenza del suo DNA nelle cellule; batteri con DNA diversi trasmettono ai loro discendenti diverse tendenze a far ammalare di polmonite i topi in cui vengono iniettati. Nel giro di pochi anni, gli esperimenti confermano che il DNA è responsabile dell'eredità biologica non solo in quei particolari batteri ma in tutti gli esseri viventi.

Già, ma allora da dove viene la variabilità genetica, se l'ambiente si limita a selezionarla, e quindi ne elimina una parte? Dopo miliardi di anni di selezione naturale non dovremmo averla esaurita tutta? Lamarck non ci era arrivato, Darwin l'aveva intuito solo a grandi linee. Nel novecento finalmente si capisce che la risposta sta nel meccanismo con cui il DNA si replica prima di ogni divisione cellulare, di modo che da una cellula con un certo contenuto di DNA se ne ottengono due con lo stesso,

identico contenuto. Lo stesso avviene negli organi riproduttori, quando si formano le cellule uovo e gli spermatozoi dalla cui fusione si ottiene la cellula uovo fecondata, e da questa un nuovo individuo. Watson e Crick, nel 1956, scoprono che il DNA ha la forma di una doppia elica e ne descrivono il meccanismo di replicazione. Ogni volta che una cellula si riproduce, sia essa una normale cellula del nostro corpo oppure una di quelle specialissime cellule che daranno vita a un nuovo organismo, il suo DNA viene ricopiato con grandissima cura, e perciò il DNA di un figlio è la copia esatta di metà del DNA materno e di metà del DNA paterno.

Anzi, è la copia più o meno esatta. In realtà il meccanismo di copiatura del DNA è accuratissimo, ma non perfetto. Una volta ogni tanto, in una qualche regione del DNA che non è possibile prevedere, viene commesso un piccolo errore. Chiamiamo questi errori mutazioni. Dopo la mutazione, un pezzettino del DNA sarà differente; alcuni individui la riceveranno in eredità dai loro genitori, altri riceveranno in eredità una copia di DNA non mutata: si creeranno delle differenze, ci sarà quello che si chiama polimorfismo genetico o variabilità. Le diverse varianti di uno stesso gene, che chiamiamo alleli e sono presenti a frequenze diverse nelle diverse popolazioni, sono il materiale su cui l'evoluzione lavora. La selezione naturale, o anche il caso, portano alla scomparsa di certi alleli, ma la mutazione ne produce sempre di nuovi e perciò la variabilità non si esaurisce.

Ma fanno bene o fanno male le mutazioni? Dipende. Molte mutazioni non fanno né male né bene perché una larga frazione del nostro DNA, il novanta per cento di quello che nel complesso chiamiamo il nostro genoma, sta lì nelle cellule senza fare assolutamente niente. Ci torneremo. Per adesso, diciamo che, nell'uomo e negli altri mammiferi, il resto del DNA, il rimanente dieci per cento, è però importantissimo perché contiene le istruzioni per produrre le proteine e quindi determina tutte le nostre caratteristiche ereditarie. Le mutazioni alterano in

maniera casuale il messaggio contenuto nel DNA; la proteina alterata che ne risulta potrà essere difettosa, e potrà risultarne una malattia genetica. La fibrosi cistica, la distrofia muscolare, e anche altre malattie più complesse, fra cui molte forme di cancro, dipendono appunto da mutazioni che hanno compromesso una qualche funzione dell'organismo. In altri casi le conseguenze sono minime. Ci sono persone di gruppo sanguigno A, B, 0 e AB, e vivono tutte ugualmente bene. I diversi gruppi sanguigni sono determinati, da tre alleli diversi, che chiamiamo I^A , I^B ed I^O , in diverse combinazioni: per esempio, sono di gruppo AB le persone che hanno ereditato da un genitore l'allele I^A e dall'altro I^B , e sono di gruppo 0 le persone che hanno ereditato I^O da entrambi i genitori. Ciascuno dei tre alleli è il frutto di una mutazione avvenuta molte migliaia di anni fa, e che siccome non fa male è stata mantenuta nella specie, trasmessa ai figli, da loro ai figli dei figli, e così via. E poi c'è un'altra quota di mutazioni che conferiscono qualche vantaggio a chi le porta, e che tendono a diffondersi per via della selezione naturale.

All'inizio del XX secolo, quando vengono riscoperte le leggi di Mendel, metterle insieme col pensiero evoluzionista non è stato uno scherzo. La genetica mendeliana descrive l'eredità come frutto della trasmissione di unità distinte, i geni, ciascuno dei quali è responsabile di una specifica funzione biologica: i geni determinano se siamo di gruppo sanguigno A oppure B o 0 o AB; ognuno di noi ha l'allele per la coagulazione normale del sangue oppure è emofilico; e così via. Gli evoluzionisti studiavano soprattutto l'anatomia degli organismi, nella quale i caratteri variano in maniera continua, cioè possono assumere qualunque valore all'interno di un certo intervallo: l'ala di un passero può essere lunga 8 centimetri, o 8,1, o 8,2, eccetera. Come è possibile che questa variabilità continua dipenda dalla trasmissione di geni che hanno effetti discontinui? La risposta l'hanno trovata i grandi teorici del novecento, e si può riassumerla dicendo che la variabilità continua è il risultato dell'effetto congiunto di tanti

geni, influenzati nella loro espressione dall'ambiente. Ancora oggi molti aspetti di queste interazioni ci sfuggono, e c'è ancora parecchio lavoro da fare per comprenderli a fondo. Resta il fatto che nel 1937 Theodosius Dobzhansky dà alle stampe un libro intitolato *La genetica e l'origine delle specie*, uno dei libri che hanno maggiormente influenzato generazioni di biologi. Da allora, dalla cosiddetta nuova sintesi, genetica ed evoluzione saranno inseparabili. Il codice genetico

Intorno al 1960, gli studi di Gobind Khorana e Marshall Nirenberg svelano il codice genetico. Possiamo immaginare il DNA come una lunga catena in cui si ripetono, in tantissime variazioni, quattro componenti, o basi, che indichiamo con le lettere A, C, G e T (adenina, citosina, guanina e timina). Variabilità o polimorfismo significa che, in un certo punto del DNA, in un certo sito, qualcuno ha, per esempio, una T e qualcun altro una C e perciò ci sono due alleli diversi, quello col T e quello col C. Nella nostra specie, circa una base su mille è variabile, mentre le altre 999 sono identiche in tutti noi. Non so se sia stato proprio lui il primo a intuirlo, ma Francis Crick è almeno il primo che definisce quello che, con un termine autoironico (la scienza non può avere dogmi), propone di battezzare "dogma centrale" della biologia: il DNA fa le proteine, ma non viceversa. Ma come fa a fare le proteine? Il problema non è banale. Le proteine sono anch'esse, come il DNA, delle lunghe catene, formate però da venti costituenti diversi, gli amminoacidi, mentre nel DNA ci sono solo quattro basi diverse. Khorana e Nirenberg capiscono che per indicare venti cose diverse, i venti amminoacidi, con un alfabeto formato da quattro lettere, le quattro basi del DNA, non bastano parole di una lettera (che sarebbero al massimo 4) o di due (che sarebbero al massimo 16), ma ci vogliono parole di almeno tre lettere. Attraverso una lunga serie di difficili esperimenti riescono a scoprire quale amminoacido sia rappresentato da ognuna delle 64 combinazioni di tre basi del DNA. I loro studi ci spiegano

come il messaggio ereditario contenuto nel DNA e trasmesso attraverso le generazioni venga tradotto all'interno delle cellule, realizzando proteine la cui sequenza di amminoacidi è scritta nella sequenza di basi del DNA. La comparsa di una mutazione altera la sequenza del DNA, crea un nuovo allele e si ripercuote, alterandola, sulla sequenza della proteina corrispondente. La sequenza del DNA contiene quindi le istruzioni grazie a cui, secondo un codice perfettamente compreso e in sostanza identico in tutti i viventi, prendono forma le proteine che compongono le nostre cellule e che ci danno il nostro aspetto. Queste istruzioni interagiscono in maniera tutt'altro che banale con l'ambiente, da cui riceviamo ossigeno, nutrimento, stimoli e cultura. Siamo quello che siamo in parte perché abbiamo il nostro DNA (e non quello di un altro) e in parte per via dell'ambiente in cui quel DNA ha prodotto le sue proteine, cioè si è espresso.

Gli ultimi decenni hanno visto uno sviluppo vorticoso delle conoscenze in genetica e dei metodi per accumularle. Leggere la sequenza del DNA era un'operazione costosa, complessa e lenta; oggi è diventata rapida, economica ed efficiente. A partire dal 1990, un consorzio di università ed enti privati di ricerca, soprattutto americani e inglesi, ha cominciato a ricostruire la sequenza completa del genoma umano. Nel giugno del 2000, in una conferenza stampa congiunta, il presidente statunitense Bill Clinton e il primo ministro britannico Tony Blair hanno annunciato (un poco prematuramente: c'erano errori nella prima sequenza pubblicata) il completamento del progetto. In uno sforzo durato diversi anni, sono state lette miliardi di basi del DNA, tutto quanto il DNA di una nostra cellula. In quella successione di A, di C, di G e di T, sta il complesso di informazioni che rappresentano il progetto genetico di ciascuno di noi. C'è ancora molto da fare. Tanto per dirne una, oggi abbiamo una sequenza disponibile, che è molto meglio di niente, ma bisognerà leggerne tante altre per capire quali siano le basi

genetiche delle nostre differenze, per esempio perché qualcuno ha la pressione alta e qualcun altro no. Comunque, questa prima sequenza è già un ottimo punto di partenza da cui progettare nuovi metodi per diagnosticare, curare e prevenire le malattie.

Nel frattempo si sono anche moltiplicate le nostre capacità di interpretare la sequenza, vale a dire di individuare quali tratti del DNA codifichino per quali proteine. Analizzando i genomi dell'uomo e di altre specie, dal pollo al riso, al moscerino della frutta e allo scimpanzé, si è scoperto, con sorpresa, che una buona parte del DNA non codifica affatto. Ci sono tanti geni, quasi trentamila nell'uomo, e ognuno fa almeno una sua proteina (alcuni ne fanno tante, ma non è il caso di preoccuparsene). Però tutti questi geni occupano circa il dieci per cento del genoma, e non si sa bene a cosa serva, e perché stia lì, il restante novanta per cento. Si è molto discusso e si continua a discutere sul perché l'evoluzione abbia lasciato nelle cellule degli organismi più complessi così tanto DNA che non fa proteine e che quindi, a prima vista, non serve a niente. C'è chi pensa che, se non fa danni (e non ne fa), questo DNA sia destinato a starsene lì perché la selezione non ha motivo di eliminarlo, e c'è chi pensa che, se sta lì, forse qualche funzione, magari qualche funzione che ancora non abbiamo compreso, ce l'avrà. Per questo libro, ci interessa soprattutto il fatto che il DNA non codificante non è sottoposto all'effetto della selezione naturale. Le mutazioni che lo colpiscono non fanno né male né bene, e perciò vengono trasmesse senza problemi ai discendenti. In questo modo, con queste mutazioni, rimane nel nostro DNA una traccia di eventi molto antichi, che stiamo imparando a riconoscere. Se, per esempio, una certa mutazione è avvenuta ventimila anni fa, creando un nuovo allele in qualcuno che stava in Asia, e i suoi discendenti sono stati fra i primi a spingersi attraverso lo stretto di Bering, in America del nord, e poi giù fino all'America del sud, adesso ritroveremo quell'allele in alcuni asiatici e in molti indigeni americani, del nord e del sud. Ragionando sulla

distribuzione di questi alleli, sulle regioni geografiche dove oggi sono presenti e su quanto siano comuni, siamo riusciti a ricostruire le principali migrazioni che hanno portato alla diffusione della nostra specie (e di tante altre) sul pianeta. E perciò a questi alleli, e alle mutazioni che li hanno prodotti, mutazioni che chiamiamo neutre perché non fanno né bene né male, dedicheremo molta attenzione nel prosieguo di questo libro. DNA, ambiente e diversità umana

Per ora, occupiamoci però della diversità umana. Adesso che abbiamo capito che per ogni gene sono possibili tanti alleli diversi, possiamo dire che la diversità genetica umana è il prodotto della presenza di tutti questi alleli. Ma per intenderci meglio su cosa questo significhi dovremo fare un passo indietro, tornare alle leggi dell'eredità scoperte da Mendel. I geni, di cui Mendel aveva compreso il funzionamento e che Avery e i suoi collaboratori hanno localizzato sul DNA, sono presenti in ciascuno di noi, in ciascuna nostra cellula, in due copie: una di origine paterna e una di origine materna. Siccome tutte le nostre cellule derivano dalla cellula uovo fecondata, tutte conterranno lo stesso DNA, copiato con grande fedeltà, a parte qualche occasionale mutazione. Il nostro genoma, il complesso del nostro DNA, comprende 6 miliardi di basi, 3 miliardi da ciascun genitore. Per non far confusione, conviene allora chiamare fenoma diploide (cioè in doppia copia) quello della maggioranza delle cellule, e genoma aploide quello in singola copia contenuto negli spermatozoi e nelle cellule uovo prima della fecondazione. Nella cellula degli organismi superiori, non c'è una sola catena di DNA, ma tante, che prendono il nome di cromosomi. Noi uomini ne abbiamo 46, 23 di origine materna e 23 di origine paterna, e anche qui si può parlare quindi di corredo cromosomico aploide (i 23 cromosomi di una cellula uovo non fecondata o di uno spermatozoo) e di corredo cromosomico diploide (i 46 cromosomi di una cellula uovo fecondata, e di tutte le cellule che, derivate da quella, costituiscono il nostro organismo). I

nostri trentamila geni sono suddivisi sui 23 cromosomi che abbiamo ereditato dalla mamma e sui 23 che abbiamo ereditato dal papà. Attenzione: alcuni cromosomi sono particolarmente importanti. Due di loro, il cromosoma X e il cromosoma Y, si chiamano cromosomi sessuali perché determinano il nostro sesso. Le donne hanno due cromosomi X, e ne trasmettono uno a tutti i loro figli, maschi o femmine che siano. Gli uomini hanno un cromosoma X e un cromosoma Y, e perciò possono trasmettere ai discendenti l'uno o l'altro: se sarà l'X, il discendente sarà femmina, se sarà l'Y il discendente sarà maschio. Dunque, il sesso del nascituro dipende solo dal padre, non dalla madre. Ricordate le storie di mogli ripudiate perché non davano al marito, che magari era lo Scià di Persia, il tanto desiderato erede maschio? Bene, tutte stupidaggini: la colpa, ammesso che di colpa si tratti, è del marito, anche se è lo Scià di Persia. Nel suo complesso la diversità umana, la somma delle differenze fra i membri della nostra specie, dipende solo in parte dalla diversità genetica. In parte dipende da fattori che, in mancanza di un termine migliore, possiamo chiamare ambientali o culturali: quello che mangiamo e abbiamo mangiato, quanto esercizio fisico facciamo e abbiamo fatto, quanto caldo fa o faceva quando eravamo piccoli. Non è sempre facile separare l'effetto dei geni e quello dell'ambiente e della cultura. Anzi, in molti casi il secondo, è più evidente del primo. Vestiamo in modo diverso, portiamo i capelli lunghi o corti, giriamo con le scarpe o a piedi nudi. Un tizio senza scarpe sull'autobus salta agli occhi più che il portatore di un'anomalia genetica del sangue, ma basterebbe che se le mettesse per essere uguale a tutti gli altri. Lo stesso vale per una tizia senza velo a Teheran. È chiaro che queste differenze riguardano il modo in cui ci comportiamo, non hanno niente a che vedere con la nostra biologia, e non dobbiamo considerarle quando parliamo di razze. Il fatto è, però, che l'ambiente interagisce con i geni anche in maniera più sottile. Pensiamo, per esempio, al nostro peso. È chiaro che ha

qualcosa a che fare con i geni: genitori smilzi hanno in genere figli smilzi, e genitori grassi hanno una probabilità maggiore di avere figli grassi. Ma quanti dei miei 76 chili stanno scritti nei geni che mi hanno trasmesso mamma e papà, e quanti dipendono dalle spaghettonate degli ultimi vent'anni? O quanta della mia intelligenza, per passare a un tema altamente controverso su cui torneremo, ce l'ho e basta perché sta dalla nascita nei miei geni e prima stava in quelli di mamma e papà, e quanta ne ho sviluppata con lo studio e l'esercizio?

Se ne può discutere all'infinito e in effetti se ne è discusso all'infinito: con pochissimo costrutto. Io penso che non si possa rispondere perché, messa così, la domanda è mal posta. Noi non siamo il risultato di una somma fra gli effetti della natura e dell'ambiente, come non lo è nessuna creatura vivente. Separare l'effetto dei geni da quello dell'ambiente è semplice in pochi casi, difficile in generale. Il nostro gruppo sanguigno può essere A, B, AB o O, e non conta quale sia stata la nostra dieta o quanto abbiamo studiato: questa caratteristica dipende esclusivamente da come si sono combinati gli alleli di un nostro gene nella cellula uovo da cui deriviamo. Invece colore della pelle, statura, peso, intelligenza (qualsiasi cosa significhi questa parola) non sono il prodotto di un singolo gene ma di tanti, e soprattutto sono influenzati dall'esposizione al sole, da quello che mangiamo, o da quello che leggiamo, o da quanto sport facciamo. Insomma, bisogna pensare ai nostri geni diversamente: come a fattori ereditari che stabiliscono i limiti di quello che possiamo essere. Si tratta di limiti piuttosto ampi; dove ci collochiamo, al loro interno, dipende delle diverse condizioni in cui siamo cresciuti e in cui viviamo. Non tutti abbiamo gli stessi limiti e non tutti, allenandoci sistematicamente, vinceremmo il premio Nobel o il Tour de France, ma con una buona alimentazione si diventa mediamente più alti, e basta confrontarsi coi nostri nonni, per accorgersene. Però nessuno diventerà alto tre metri perché per quella statura ci vorrebbero

geni che noi non abbiamo (e le giraffe, come abbiamo visto, sì). Allo stesso modo, alcuni sono geneticamente propensi a vivere più a lungo di altri, per esempio perché il loro sistema circolatorio soffre di meno se la dieta contiene molti grassi. Stando attenti a quello che mangiamo e a quanto esercizio facciamo si è allungata la vita media e si spera di continuare ad allungarla, ma, contrariamente a quanto si è sentito dire di recente, esistono limiti biologici alla longevità, e l'immortalità è chiaramente fuori portata.

Su un piano diverso, con l'allenamento e l'esercizio fisico possiamo riuscire a percorrere 50 km in bici, poi 100, e alcuni, fra cui i ciclisti professionisti, arrivano a percorrere centinaia di chilometri ogni giorno, ma la nostra macchina muscolare e scheletrica, codificata nei nostri geni, non ci consente di percorrerli a una media di novanta all'ora. Sul terreno (minato) delle facoltà cognitive, le nostre capacità di calcolo e di ragionamento sono vaste ma non infinite; con l'esercizio possiamo ampliarle, memorizzare di più e ragionare più in fretta: ma oltre a un certo punto non si va. E comunque, con l'allenamento possiamo arrivare a correre di più od ottenere punteggi entusiasmanti nei test per il quoziente d'intelligenza, ma non riusciremo mai a convincere le nostre cellule a fare clorofilla o a produrre antibiotici quando ci servono. Abbiamo limiti congeniti, i nostri geni umani sanno fare tante cose ma queste no.

Noi siamo quello che siamo perché i geni che una lunga serie di antenati ci ha trasmesso, ultimi mamma e papà, si sono espressi nell'ambiente in cui siamo cresciuti e in cui viviamo. Per capire se ci siano razze, cioè differenze genetiche nette fra gruppi umani, bisogna in qualche modo mettere da parte l'effetto dell'ambiente. Dunque non conviene partire da caratteri come il nostro peso, la nostra velocità o, peggio ancora, le capacità cognitive, perché peso, velocità e la capacità di superare test psicologici dipendono, in maniera ancora poco chiara, dai nostri

geni, dall'ambiente, e dal modo in cui si sono intrecciati gli effetti di geni e ambiente. Per cominciare a capire se e in che modo le differenze fra noi e gli altri che ci stanno intorno stanno scritte nei geni, bisogna studiare geni di cui comprendiamo bene l'effetto. E prima di cominciare bisognerà anche mettersi d'accordo una buona volta su cosa si intenda per razza.

Note

Si possono scaricare gratuitamente molti degli articoli scientifici citati in questo e nei successivi capitoli ai siti delle riviste dove sono stati pubblicati. Naturalmente sono in inglese. Un eccellente motore di ricerca nel quale si possono cercare articoli indicandone una parola-chiave o un autore è Medline: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?DB=pubmed>.

Per una storia del pensiero biologico ed evoluzionistico, E. Mayr, Storia del pensiero biologico. Diversità, evoluzione (Bollati Boringhieri 1999).

Sulla grande catena dei viventi conviene rivolgersi a Wikipedia, l'enciclopedia on line: http://en.wikipedia.org/wiki/Great_chain_of_being. Ho trovato il testo di Buffon su questo sito web: <http://www.racine.ra.it/curba/rivoluzioni/Biologia/buffon.htm>. Il brano di Darwin riportato fra virgolette è l'ultimo paragrafo dell'Origine delle specie, disponibile in varie traduzioni italiane,

fra cui quella dell'Einaudi nei Tascabili e i commenti di Houghton sono riportati dallo stesso Darwin nell'Autobiografia, sempre pubblicata da Einaudi.

Sulla storia delle teorie evoluzionistiche non ci sono molti testi in italiano. Si può leggere il primo capitolo di un testo universitario come Evoluzione di Mark Ridley (McGraw-Hill Italia 2006),

ma io consiglio caldamente di Telmo Pievani, La teoria dell'evoluzione (Il Mulino 2006), un testo serio, documentato e di piacevole lettura. Poi sono molto ben fatti i quaderni della serie

I grandi della scienza, editi da Le Scienze: Lamarck di Pietro Corsi (numero 18, 2000); Darwin di Barbara Continenza (numero 4, 1998), che tratta estesamente della genesi e dei

precursori della teoria evoluzionistica darwiniana; Mendel di Adriana Giannini (numero 34, 2003); Monod, Jacob, Lwoff, di Michel Morange (numero 31, 2003). Si può scaricare una mia

presentazione in PowerPoint sull'origine delle teorie evoluzioniste dal sito di ScienzaGiovane: <http://www.scienzagiovane.unibo.it/tracce-Darwin/ppt/barbujani-BODarwinl.pdf>. A chi

avesse uno speciale interesse per l'evoluzione del collo delle giraffe, suggerisco S. Gould (1996), The tallest tale. Natural History 105: 18-27, anche se Carla Castellacci, che ringrazio, mi

segnala un articolo di R.E. Simmons e L. Scheepers (1996), Winning by a neck: Sexual selection in the evolution of Giraffe. American Naturalist 148: 772-786, in cui si propone una storia evolutiva parecchio diversa.

Il messaggio di Giovanni Paolo II all'Accademia Pontificia delle Scienze del 22 ottobre 1996 si trova a questo sito:

http://^ertoldi.free.fr/culturanuova/accademia/GP2_evoluzione.php, è stato ripubblicato dalla Quarterly Review of Biology volume 72, pagine 381-406 del dicembre 1997, insieme coi commenti di quattro scienziati (irragionevolmente critico, a mio parere, quello di Richard Dawkins), ed è stato ripreso da Stephen Jay Gould, in un saggio intitolato "Nonoverlapping magisteria" su Natural History (1997) 106: 16-22. È uscita sul New York

Times del 7 luglio 2005 la lettera sull'evoluzione del vescovo di Vienna Christoph Schonborn.

La possibilità di allungare indefinitamente la vita umana è discussa da Edoardo Boncinelli e Galeazzo Scierretta in *Verso l'immortalità: la scienza e il sogno di vincere il tempo* (Raffaele

Cortina Editore 2005). Per un'opinione diversa e molto ben documentata conviene rivolgersi all'articolo, specialistico ma molto ben scritto, di John Maynard Smith e altri, "The evolution of non-infectious and degenerative disease", in *Evolution of Health and Disease*, a cura di Stephen Stearns, pagg. 267-272 (Oxford University Press 1999).

Ci sono molti buoni libri di base sulla genetica, ma vale la pena di comprarseli solo se si ha voglia di studiarli. Per chi abbia obiettivi meno ambiziosi è ben fatto il dossier edito da Le

Scienze, *DNA 50 anni dopo* (numero 15, 2003). Il miglior testo in italiano sulla diversità umana è ancora quello di Richard Lewontin, *La diversità umana* (Zanichelli 1987). Ma vale la pena di dare ben più di un'occhiata anche al già citato *Intelligenza e pregiudizio: le pretese scientifiche del razzismo* di Stephen Jay Gould (Editori Riuniti 1985), a *Uomini per caso* di Olga

Rickards e Gianfranco Biondi (Editori Riuniti 2001) e a *Geni, popoli e lingue* di Luca Cavalli-Sforza (Adelphi 1996).

4. Di cosa parliamo quando parliamo di razze

Dove si ragiona su cosa sia una razza

Tribù

Nel 1990 ho passato alcune notti in un posto chiamato Elmolò, nel nord del Kenya. Il campeggio consisteva in una spianata da cui spuntava un tubo verticale con un rubinetto per l'acqua; per bevande fresche e toilettes bisognava rivolgersi a un lodge, un centro vacanze a un chilometro o due. Essere ammessi però non era scontato: bisognava prima contrattare con il guardiano, un turkana vestito da guerriero, forse per propria scelta, più probabilmente a beneficio dei turisti. La prima volta si è messo di traverso sulla porta e non voleva lasciarci entrare. Abbiamo discusso per un po' senza riuscire a smuoverlo; poi ha sentito che ci consultavamo in una lingua che non era inglese e ha voluto sapere di che tribù eravamo. Abbiamo risposto "italiani" e in men che non si dica abbiamo avuto accesso al lodge e ai suoi lindi servizi igienici. Gli italiani sono una tribù riconosciuta dai turkana. A quanto pare, etichettare i nostri simili, specie quando non ci sembrano tanto simili, è una tendenza diffusa. Il fatto è che pochi temi colpiscono l'immaginario collettivo e suscitano domande come la nostra origine e le nostre differenze. Vale per i turkana ma anche per l'uomo bianco. Sul sito internet del New York Times i lettori possono partecipare ad un forum sulle origini dell'uomo, cioè rendere pubbliche le loro opinioni e far commenti su quelle degli altri. Ci sono, al 10 agosto 2006, 62.384

messaggi; aumentano al ritmo di diverse decine al giorno e migliaia di loro parlano di razza. O meglio, parlano di tutto: del Progetto Genoma Umano e del significato esatto della parola "indigeno", della Bibbia come fonte di conoscenze astrofisiche e della sieropositività di Magic Johnson, di Darwin, del Papa, di Homo erectus, Hitler e Stalin, in un groviglio laocoontico al cui centro però c'è una domanda antica: esistono o non esistono le razze umane? È giusto dire che l'umanità è divisa in gruppi che differiscono chiaramente, per struttura fisica, colore della pelle, forma del cranio, magari intelligenza o sensibilità etica, in definitiva perché sono congenitamente diversi? O invece, all'interno di tutta questa diversità, etichettare le persone con sicurezza, suddividerle in gruppi razziali distinti è molto, molto problematico e anzi, per quanto ne sappiamo, impossibile, per cui meglio lasciar perdere? Le risposte sul forum sono quanto mai eterogenee. Alcuni interventi sono scientificamente documentati e pieni di buon senso, ma purtroppo in questi siti, degni eredi degli scompartimenti ferroviari come luogo dell'espressione incontrollata di ogni giudizio e pregiudizio, prevalgono le opinioni eccentriche e gli autodidatti impazzano. Un lettore che si firma Jayjay47 esclude che le razze possano essere viste come entità atomiche perché entrano in contatto e interagiscono le une con le altre. Un altro, Leszekcnn, non è disposto a credere che i maori siano una vera razza. Goodoldjucifer filosofeggia: "La realtà è un'utile ipotesi di partenza, ma non c'è alcuna prova che esista". Invece Yaguei prevede che dalla commistione delle razze si genererà il comunismo culturale, e ci toccherà anche adorarlo. Insomma, c'è di tutto. Verrebbe da sorridere, una volta superato il senso di vertigine provocato da una tale babele di opinioni, ma provate a parlare di razze coi vostri amici: ci si trova risucchiati nello stesso gorgo. Le posizioni si estremizzano rapidamente, dall'argomentazione si passa all'insinuazione di

carattere personale ("ma allora sei un fascista", "ma allora sei comunista"), e solo un massiccio uso dell'ironia può evitare, e non sempre, che la discussione degeneri. C'è poco da fare, si finisce per dare ragione a Leszekcnn (ancora lui, molto attivo sul forum) quando dichiara che il dibattito sulla razza ci costringe a porci domande essenziali su noi stessi, domande che sarebbe più semplice evitare. Ma se è così, se le domande sono così essenziali, vale la pena invece di provare a rispondere. D'altra parte, un dibattito simile, e altrettanto acceso, lo ritroviamo anche sulle colonne delle principali riviste scientifiche. Luca Cavalli-Sforza, uno dei più grandi che si sono occupati di diversità umana, giudica lo studio della classificazione razziale "un esercizio futile". Esteban Gonzalez-Burchard e altri scienziati del gruppo di Neil Reisch, in un articolo uscito nel 2003 sul New England Journal of Medicine, la principale rivista medica americana, replicano sostenendo che sarà anche vero che deplorevoli forme di discriminazione sociale discendono da

atteggiamenti razzisti, ma non possiamo chiudere gli occhi: il concetto di razza ha solide basi biologiche e soprattutto resta assolutamente indispensabile per fare della genetica seria. Se lo buttiamo via, scrivono, buttiamo via anche la speranza di progredire nello studio delle malattie e dei geni che le provocano, perché ogni razza ha il suo complesso di geni e un rischio ben definito di sviluppare certe malattie. Nello stesso numero della stessa rivista, Richard Cooper, Jay Kaufman e Ryk Ward sostengono invece che per prevedere il rischio di malattie le etichette razziali sono controproducenti, perché la nostra specie non è affatto divisa in gruppi ben distinti, ciascuno con le sue varianti genetiche specifiche e con le sue specifiche malattie. Siamo sì diversi, ma la nostra variabilità genetica è distribuita in modo continuo, senza confini netti fra un gruppo e l'altro, e quindi meglio smetterla di rappresentarla secondo le classificazioni razziali dell'ottocento. E la televisione pubblica americana PBS manda in onda un documentario intitolato Razza:

Il potere di un'illusione, e l'anno dopo Vincent Sarich, un prestigioso evoluzionista, intitola un suo saggio: Razza: La realtà delle differenze umane. Come si vede, sia fra gli scienziati sia fra gli appassionati ci sono opinioni molto diverse, e si mescolano due questioni distinte. La prima è se ci siano gruppi umani così diversi che si possano ragionevolmente chiamare razze, la seconda se, ammesso che le razze esistano, sia socialmente accettabile chiamarle col loro nomi. Cos'è una razza?

Ma cos'è una razza? In biologia, la parola è tradizionalmente usata per definire dei gruppi di individui distinti all'interno di una specie. La specie umana comprende tutti noi, e fin qui non ci sono equivoci, anche se, come abbiamo visto, ce ne sono stati in passato. Comunque, al momento, nessuno mette in dubbio che ci sia una sola specie umana: nessuno, in buona fede e in buone condizioni d'illuminazione, può confondere un uomo con uno scimpanzé. Le incomprensioni nascono quando si tratta di mettersi d'accordo su cos'è, al suo interno, un gruppo di individui biologicamente distinti.

Eviterei di passare in rassegna tutte le definizioni di razza: sono tante e spesso differiscono per sfumature. Mi affiderei, piuttosto, a Ernst Mayr, uno dei grandi biologi evoluzionisti del XX secolo. Nella sua opera principale, Mayr distingue fra specie in cui le caratteristiche degli individui variano gradualmente nello spazio geografico e specie nelle quali ci sono nette differenze biologiche fra gruppi separati da confini. Quando le cose stanno così, quando ci sono i confini, le entità separate da confini sono appunto definite sottospecie o razze. Con questa definizione, Mayr sottolinea tre aspetti importanti del problema. Il primo è che, in ciascuna specie, le razze possono esserci o non esserci. Il secondo è la dimensione spaziale: ogni razza è associata, almeno inizialmente, a una regione o area geografica ben definita. Il terzo è la presenza di confini: se dobbiamo dare dei nomi ai gruppi di individui, etichettarli, bisogna che ciascun

gruppo sia ben circoscritto rispetto agli altri; niente confini, niente razze.

Figura 2. Due rappresentazioni schematiche della biodiversità in una specie. A sinistra, la specie è suddivisa in gruppi ben distinti. La maggior parte degli individui ha caratteristiche che permettono di attribuirli senza ambiguità a un solo gruppo: A al gruppo definito dalla linea continua, B a quello definito dalla linea tratteggiata. Solo per C c'è incertezza (può appartenere sia al gruppo definito dalla linea tratteggiata sia a quello definito dalla linea punteggiata). A destra c'è una specie i cui gruppi non sono distinti biologicamente: le caratteristiche dell'individuo D sono compatibili con la sua appartenenza a diversi gruppi (con tutti, in questo esempio). Da G. Barbujani: Human races: classifying people vs. understanding diversity, *Current Genomics* 6, 215-226 (2005).

Facciamo un esempio. Nella figura 2 immaginiamo di rappresentare sul piano del foglio, come in un diagramma cartesiano, due caratteristiche biologiche, diciamo statura e peso. Potremmo, anzi dovremmo, considerarne molte di più: forma del cranio, gruppo sanguigno, colore degli occhi. Ma per farlo dovremmo rappresentarle in tre, quattro, tante dimensioni, e sul piano del foglio non ci starebbero più. Dunque facciamo come fanno gli scienziati: trasformiamo un problema complesso in uno più semplice cercando, nella semplificazione, di non perdere di vista i suoi aspetti principali. Ogni individuo, sulla base della statura e del peso, cadrà in un certo punto del piano. A, B e C sono tre individui di una specie suddivisa in quattro gruppi ben distinti. Assegnare gli individui ai gruppi è facile; solo per quelli come C, che si collocano alle intersezioni, resta qualche dubbio. In una specie di questo genere, parlare di razze è legittimo, perché effettivamente statura e peso degli individui permettono

di identificare con chiarezza quattro gruppi principali, e molti individui appartengono con chiarezza a uno e un solo gruppo.

Nella parte destra del disegno troviamo una situazione diversa. Abbiamo sempre quattro gruppi, ma sono sovrapposti e ogni gruppo sconfina in quelli adiacenti. Significa che in genere non basteranno la statura e il peso per dire a che gruppo appartenga un individuo: D può far parte di tutti e quattro, e solo individui con statura e peso estremi potrebbero essere attribuiti con certezza a un gruppo solo. In questa specie non ha senso parlare di razze, perché statura e peso degli individui che la compongono sono distribuiti in maniera continua. I gruppi di questo grafico potranno avere qualche giustificazione, potranno rappresentare persone accomunate da una lingua, da una religione o da qualche vicenda storica, ma non formano entità biologicamente distinte. E allora, la nostra specie è come quella di sinistra, cioè comprende razze, è suddivisa da confini biologici obiettivamente riconoscibili, o è come quella di destra? A prima vista, non sembra poi un problema troppo arduo da risolvere. Basta guardarsi intorno. Ognuno coglie subito la differenza fra, diciamo, uno svedese medio e un senegalese medio. Se mettiamo insieme cinquanta svedesi e cinquanta senegalesi, chiunque potrà separarli a seconda del colore della pelle, dei capelli, degli occhi. Molto bene. Questo modo di procedere, nella sua forma più sofisticata, prende il nome di approccio tipologico, ed è quello classico dell'antropologia ottocentesca. Si definisce un tipo ideale, caratteristico di una certa popolazione o razza, e poi si mettono insieme tutti quelli che si avvicinano a questo ideale.

Il guaio dell'approccio tipologico è che non porta lontano. Svedesi e senegalesi stanno, rispettivamente, in Svezia e in Senegal. Fra loro non c'è una linea di confine, ci sono migliaia di chilometri dove vivono milioni di esseri umani. Per capire se ci siano confini biologici, cioè linee attraverso cui le differenze biologiche sono nette, bisogna confrontare popolazioni vicine. E qui casca l'asino. Quando l'esercizio non è banale, quando invece

di un gruppo di africani e uno di europei abbiamo cento persone che provengono da tutti i posti compresi fra Africa occidentale e nord Europa: mauritani, marocchini, andalusi, sardi, ticinesi, bavaresi, danesi e così via; in questi casi è molto difficile mettersi d'accordo su quali siano i tipi fondamentali, e su chi appartenga a ciascun tipo. Ciascuno di noi, posto di fronte allo stesso problema, raggruppare i cento individui in pochi gruppi omogenei e ben separati fra loro, arriverà a una soluzione diversa: l'esperimento è stato fatto, ed è andata proprio così. Dunque, l'approccio tipologico mostra presto la corda, per due motivi: perché non ci sono solo bianchi e neri ma anche tanti colori intermedi, e perché non c'è modo di mettersi d'accordo, a occhio, su chi somigli a chi. Se vogliamo individuare i principali gruppi umani ci vuole un metodo più preciso, meno soggettivo: bisogna basarsi non sull'aspetto esteriore ma su caratteristiche biologiche ben definite. Sul DNA, per esempio. Fino a dieci anni fa era difficile, ma oggi è possibile farlo. Se la classificazione razziale si basa su vere differenze biologiche, e se si vogliono usare le razze per prevedere il rischio delle malattie, devono essere possibili, alla fine dei conti, tre cose: (1) mettersi d'accordo su una lista di razze umane; (2) localizzare ciascuna razza sulla carta geografica e (3) dimostrare che ciascuna razza è caratterizzata da varianti genetiche specifiche, che in altre razze sono assenti o almeno molto rare. Le razze degli altri

Se ragionare sull'uomo ci risulta difficile, possiamo prenderla alla larga, sfruttando il fatto che non siamo soli nell'universo. Ci sono milioni di altre specie, animali e vegetali. Sono strutturate al loro interno, è comune trovare che siano divise in razze, oppure no? Vengono subito in mente i cavalli di razza, i cani di razza. I dobermann hanno pelo corto, i levrieri afgani pelo lungo; gli alani sono grossi e i pechinesi piccoli. E così via. Dunque, fra i cani, chi fa parte di una certa razza ha qualcosa in comune con gli altri membri della razza (tutti gli alani sono grossi), ed è separato da chiari confini biologici dai componenti delle altre

razze (gli alani sono grossi e i pechinesi sono piccoli); la definizione di Mayr funziona. Purtroppo neanche il paragone coi cani (o coi cavalli, o con le varietà vegetali coltivate: la mela golden e la mela renetta) ci porta molto lontano, perché queste razze, frutto della selezione artificiale, sono tutto tranne che naturali. Si tratta di gruppi di individui che da molto tempo non sono stati liberi di scegliere con chi riprodursi. Per ottenere cani dal pelo lunghissimo l'uomo ha incrociato per molte generazioni cani dal pelo lungo, e a ogni generazione la lunghezza media del pelo è aumentata di un po', esattamente com'è successo, però per cause naturali, col collo delle giraffe. Lo stesso si è fatto per ottenere cavalli più veloci o più robusti, mele più grosse o di aspetto migliore. Nel cane, nel cavallo e nelle altre specie domestiche o coltivate, l'uomo ha creato artificialmente i confini fra le razze, e li mantiene impedendo che il purosangue si riproduca col pony.

In fondo in fondo, però, questo paragone ci serve a capire un'altra cosa. Come abbiamo appena detto, i cavalli e i cani di razza sono quelli la cui genealogia comprende una lunga serie di incroci fra cavalli e cani dello stesso tipo. Questi incroci fra consanguinei hanno fatto sì che certe caratteristiche diventassero un patrimonio comune di tutti i membri della razza: zampe lunghe oppure corte, complessione robusta oppure snella, eccetera. Nelle specie in cui ci sono razze deve essere capitato per cause naturali quello che, nel cavallo e nel cane, è avvenuto per mano dell'uomo. In altre parole, nelle specie in cui ci sono le razze qualche fattore evolutivo è intervenuto a separare fra loro i vari gruppi di individui, e così ogni razza si è evoluta separatamente dalle altre. In seguito a questo isolamento riproduttivo, tutti i membri di una razza sono imparentati fra loro più strettamente di quanto non lo siano con quelli delle altre razze, esattamente come in certe famiglie c'è una certa forma del naso o colore degli occhi, differenti dai nasi o dagli occhi di altre famiglie.

Dunque la nostra diversità biologica è la conseguenza della nostra storia genealogica. I gemelli uniovulari sono quasi identici perché hanno tutti i geni uguali, genitori e figli si assomigliano perché hanno in comune il 50% dei loro geni, nonni e nipoti perché ne hanno in comune il 25%. Passando a rapporti di parentela più lontani, nel nostro paese d'origine incontriamo spesso persone che, in qualche modo, ci assomigliano, cosa che ci capita più di rado se ci spostiamo lontano, e non ci capita affatto se andiamo molto lontano. Queste somiglianze sono anch'esse frutto della nostra genealogia: abbiamo relazioni di parentela abbastanza strette con molti membri della nostra comunità, meno strette con gente di altre popolazioni, e in media tanto meno quanto più queste popolazioni vivono in regioni lontane. Dunque, dire che due creature si assomigliano geneticamente significa spesso (non sempre) anche che queste due creature hanno antenati comuni abbastanza recenti, poche generazioni fa; dire che non si assomigliano significa dire che questi antenati comuni sono meno recenti; e anche creature che non sembrano assomigliarsi per niente, come noi e il virus che ci fa venire il raffreddore, traducono secondo lo stesso codice in proteine l'informazione contenuta nel loro DNA e dunque qualche antenato comune ce l'hanno anche loro, qualche creatura che ci riesce difficile immaginare ma che dev'essere vissuta intorno a quattro miliardi di anni fa. Ma andiamo a vedere come si distribuisce la diversità degli altri. Farò tre esempi: il ghepardo, un crostaceo che si chiama *Euphausia superba* e che è comunemente noto col nome di krill, e la lumaca dei Pirenei *Cepaea nemoralis*. I ghepardi sono praticamente tutti identici. In uno studio di 49 geni, O'Brien e collaboratori ne hanno trovati 47 in cui tutti i loro ghepardi erano uguali, e solo due in cui ci sono alleli diversi e dunque un po' di variabilità. Studi più recenti hanno dimostrato che, a cercar meglio, un altro pochetto di variabilità salta fuori, ma si tratta comunque di briciole. Dunque i ghepardi sono tutti strettamente imparentati,

praticamente una sola famiglia. Non è una caratteristica dei felini: leopardi e leoni, o anche i comuni gatti domestici, sono molto più diversi fra loro. Gli esperti di conservazione della fauna ci dicono che una situazione del genere si spiega solo pensando che, non molto tempo fa, forse nell'ultimo secolo, i ghepardi siano stati sul punto di estinguersi. Ne devono essere rimasti pochissimi, che sono sopravvissuti e si sono riprodotti incrociandosi fra fratello e sorella. Perciò dire che sono un'unica famiglia non è una metafora, ma una descrizione accurata della loro diversità genetica.

Che l'uomo non sia come il ghepardo lo abbiamo detto fin dalla prima pagina, anche se non siamo affatto fra le specie più variabili. Nel moscerino della frutta troviamo differenze ben più grandi, e così anche fra gli scimpanzé, cioè nella specie che ci è più vicina. Non c'è dubbio però che fra i sei miliardi di esseri umani non ci sono le strettissime relazioni genetiche che ci sono fra i ghepardi. E allora, se fossimo come il krill? Il krill è un piccolo crostaceo di grande interesse commerciale, perché costituisce una componente importante del plankton di cui si nutrono vari organismi marini, fra cui le balene. Nelle popolazioni di krill antartico si trova tanta variabilità genetica. Di molti geni studiati sono presenti, in individui diversi, diverse varianti: diversi alleli. Ma se si studiano popolazioni separate anche da migliaia di chilometri, questi alleli sono presenti alle stesse frequenze. Ogni popolazione è uguale a tutte le altre nella sua composizione, tanto che si parla di un'unica popolazione, distribuita tutto intorno all'Antartide. In sostanza, il krill è geneticamente variabile, ma nella sua variabilità non si riescono a distinguere razze.

È diverso il caso delle lumache dei Pirenei. Anche le lumache dei Pirenei sono variabili geneticamente, ma, a differenza del krill, le popolazioni di valli differenti mostrano chiare differenze. Andando a studiare gli alleli di pochi geni, un esperto può dire con grande precisione da che valle provenga una lumaca.

Dunque, nella lumaca dei Pirenei c'è tanta variabilità genetica, come nel krill, ma, a differenza che nel krill, ci sono anche razze ben distinte, una in ciascuna valle. Le razze si formano se le popolazioni restano isolate. Insomma, non siamo come i ghepardi, ma possiamo essere come il krill, o come le lumache dei Pirenei, o qualcosa d'intermedio. Mentre attendiamo di scoprirlo, possiamo magari riflettere su un'altra caratteristica di queste due specie. Il krill viaggia moltissimo, spinto dalle correnti. È stato calcolato che, nel corso della sua vita riproduttiva, uno di questi piccoli crostacei fa facilmente un giro completo di tutta l'Antartide, e dunque può riprodursi un po' ovunque. La grande mobilità gli offre grandi possibilità di accoppiarsi con partner di origini anche molto diverse. Invece, lo fanno anche i bambini, le lumache vanno piano e poco lontano. Si spostano con difficoltà e, se non bastasse, ci sono catene montuose a tenerle separate, isolate dalle altre popolazioni. In queste condizioni, si incrociano solo con altri membri del loro gruppo, e i loro figli si incrociano fra di loro. Insomma, le lumache stanno naturalmente in una condizione simile a quella dei cani di razza, mentre la condizione naturale del krill è opposta: niente barriere, tanta mobilità. Isolamento e mobilità sono perciò i due fattori che determinano, con effetti opposti, se in una specie si separino o meno delle razze. L'isolamento può essere dovuto a fattori geografici o climatici, oppure all'intervento dell'uomo. La mobilità può dipendere dalle caratteristiche intrinseche della specie, dall'assenza di barriere nel territorio in cui la specie vive, o da fattori esterni, come per il krill le correnti marine. L'isolamento favorisce la formazione di razze diverse (e a lungo andare anche di specie diverse), la mobilità e lo scambio genetico fra popolazioni gli si oppone.

Per ora possiamo fermarci qui, in attesa di capire un po' meglio come è fatta la nostra diversità genetica. Ma quello che abbiamo detto ci permette di definire ancora un po' meglio cos'è una razza. In condizioni di isolamento reciproco, due

popolazioni della stessa specie cominciano ad accumulare differenze. Le mutazioni che capitano in una non sono quelle che capitano nell'altra. Se non c'è scambio, se gli

individui delle due popolazioni non si incontrano (perché sono separati da un braccio di mare o da una catena montuosa), dopo un po' le due popolazioni avranno alleli diversi, o gli stessi alleli a frequenze diverse. Formeranno due gruppi geneticamente distinti e cioè, secondo la definizione a cui ci stiamo attenendo, due razze. Se l'isolamento dura più a lungo, le due razze continueranno a diversificarsi, fino al punto che diventeranno due specie diverse. Quando questo sarà avvenuto, se due loro membri si incontrano non saranno più in grado di riprodursi e generare figli fertili; saranno come l'asino e il cavallo. Fra qualche secolo, se le cose continuano ad andare come sono andate in passato, nei Pirenei avremo tante specie diverse di lumaca. Dunque, la razza è uno stadio intermedio nella formazione di una nuova specie, e chiedersi se una specie contenga delle razze significa chiedersi se, a lungo andare, i suoi membri finiranno per dar vita a specie diverse. Torniamo a noi, adesso che abbiamo più o meno capito cos'è una razza. Siamo come la specie di destra della figura 2 o come quella di sinistra, cioè, rispettivamente, come il krill o come la lumaca dei Pirenei? E se siamo come la lumaca dei Pirenei, quante razze ci sono nell'uomo? Vedremo che trovare una risposta a questi interrogativi, apparentemente piuttosto semplici, è invece molto complicato, nonostante sforzi che durano ormai da parecchi secoli.

Note

Il titolo di questo capitolo è una parafrasi di un racconto di Raymond Carver. Il sito internet del forum sulle origini umane del New York Times è

<http://forums.nytimes.com/top/opinion/readersopinions/forums/science/index.html?ex.html?> Per accedere è necessario registrarsi, ma è gratis. Una trattazione molto ampia del concetto di razza e della sua alterna fortuna è al sito di Wikipedia: <http://en.wikipedia.org/wiki/Race>.

Il New England Journal of Medicine ha pubblicato, nel marzo del 2003, un editoriale e due articoli sulla razza che evidenziano atteggiamenti molto diversi. Gli articoli che ho citato sono

R.S. Cooper, J.S. Kaufman and R. Ward (2003), Race and genomics. New England Journal of Medicine 348: 1166-1170, e E. Gonzalez-Burchard e altri (2003), The importance of race

and ethnic background in biomedical research and clinical practice. New England Journal of Medicine 348: 1170-1175. Il programma Race: The power of an illusion è andato in onda nel

2003 sulla PBS americana. Il libro Race: The reality of human differences, di Vincent Sarich e Frank Miele, è stato pubblicato nel 2004 da Westview Press.

Il libro di Ernst Mayr, Systematics and the Origin of Species, 3rd ed. (Columbia University Press 1947), da cui ho tratto la definizione di razza, è un classico. Quasi tutti i testi di

antropologia biologica precedenti al 1960 riportano definizioni di razza, ma i più recenti mettono la parola fra virgolette, e in quelli molto recenti la definizione è scomparsa. La si ritrova a

pag. 534 di E. Vogel and A.G. Motulsky, Human Genetics: Problems and Approaches, 2nd ed. (Springer-Verlag 1986) e a pag. 348 di Fiorenzo Facchini, Evoluzione, uomo e ambiente (UTET 1988).

Uno studio di psicologia sperimentale su come vari cittadini americani attribuiscono a razze diverse gli stessi individui è L.A. Zebrowitz, J.M. Montepare, H.K. Lee (1993), They don't all

look alike: individuated impressions of other racial groups. Journal of Personal and Social Psychology 65: 85-101. Sulla variabilità genetica nel ghepardo: S.J. O'Brien e altri (1987), East

African cheetahs: evidence for two population bottlenecks? Proceedings of the National Academy of Sciences USA 84: 508-511. Sul krill si può leggere S.E. Fevolden e R. Schneppenheim (1989), Genetic homogeneity of krill (*Euphausia superba* Dana) in the Southern Ocean. Polar Biology 9:533-539. Sulle differenze genetiche fra lumache dei Pirenei: H. Ochman, J.S. Jones, R.K. Selander (1983), Molecular effects in *Cepaea*. Proceedings of the National Academy of Science USA 80: 4189-4193. Il confronto fra variabilità genetica nella nostra specie e negli scimpanzé è in H. Kaessmann e altri (2001), Great ape DNA sequences reveal a reduced diversity and an expansion in humans. Nature Genetics 27: 155-156.

5. Cataloghi dell'umanità

Dove si scopre che non c'è un solo catalogo delle razze umane, ma tanti, anzi tantissimi

Entrando in pullman nella cittadina birmana di Kalaw il mio amico canadese Dov Soberman si è accorto che stavano giocando una partita di calcio e ha proposto di andarla a vedere. Dal momento del nostro arrivo, nessuno ha più prestato attenzione alla partita. Il pubblico era composto da almeno un centinaio di persone, e tutte, compresi a volte arbitro e giocatori, guardavano solo noi. Sono stati segnati diversi gol, nell'indifferenza generale, e continuo a credere che c'entrasse anche il fatto che i portieri, di tanto in tanto, si distraevano per darci un'occhiatina. I due stranieri, arrivati da chissà dove con le loro facce pallide e le giacche a vento colorate, erano molto più interessanti di un banale incontro di football. Primi tentativi La gente diversa ci incuriosisce, a tutte le latitudini; è istruttivo trovarsi di tanto in tanto nel ruolo della curiosità, anziché in quello del curioso. La scienza deriva direttamente dalla curiosità, e perciò non c'è da stupirsi se molti scienziati hanno dedicato il loro tempo a ragionare sulla diversità umana e a catalogarla. Gli inizi di questi studi sono avvolti dal mistero. In realtà non si sa neanche bene cosa significhi la parola razza, anche se pare che derivi dalla parola radice e si sia diffusa dall'italiano al francese e poi all'inglese. Oppure deriva dall'arabo ras, che in genere significa testa, ma anche stirpe o discendenza. Né è facile stabilire chi sia stato il primo a usarla, e altrettanto difficile è individuare il

primo tentativo di descrivere l'umanità come un catalogo di razze distinte. Ci si può rifare alla Bibbia e alla discendenza dei tre figli di Noè, Sem (gli asiatici), Cam (gli africani) e Jafet (gli europei). Oppure ci si può soffermare sulle decorazioni tombali egizie ispirate al Libro dei Cancelli e datate intorno a 1100 anni fa. Fra le anime che aspettano di accedere all'oltretomba gli esperti riconoscono i tratti tipici di quattro gruppi umani, identificati come egiziani, asiatici, libici e nubiani. Anche senza proporre una classificazione sistematica dell'umanità, fin dall'antichità gli osservatori più attenti notano caratteristiche differenti in popolazioni differenti. Esaminando i caduti della battaglia di Pelusio, in cui l'esercito persiano di Cambise aveva sconfitto gli egiziani di Psammetico, Erodoto rimane colpito dalla relativa fragilità dei crani rispetto a quelli egiziani. Per fracassare i primi era bastata una sassata, per i secondi ce ne erano volute parecchie. Erodoto azzarda una spiegazione che oggi non convince, ma che testimonia un tentativo di collegare le nostre caratteristiche fisiche all'effetto dell'ambiente: gli egiziani si rasano i capelli fin da bambini e così il sole gli rinforza il cranio. Al contrario, i persiani non solo non si radono, ma indossano anche cappelli di feltro, e alla fine, secondo Erodoto, si ritrovano con ossa sottili e fragili.

Il primo tentativo serio di classificazione sistematica, degli organismi in generale e non solo degli uomini, va fatto risalire ad Aristotele, che però non ci ha lasciato tanto uno schema completo di tutti gli animali e piante conosciuti, quanto una serie di principi generali. Fra questi, è importante l'idea che si debba partire dal basso, dagli individui, aggregandoli in specie e queste in categorie superiori, fino ad arrivare a un genere universale che le comprende tutte. Alla fine del XVII secolo, in accordo coi principi aristotelici, il naturalista inglese John Ray definisce la specie in base alla costanza delle forme ereditarie. Nel 1684 François Bernier pubblica un volume intitolato *Nouvelle division de la terre par les différents espèces ou races qui*

l'habitant in cui propone che esistano quattro razze umane. Quella di Bernier è la prima lista di razze di cui ho notizia, ma il suo autore è un viaggiatore, non uno scienziato, e si capisce da tante cose. È solo col *Systema naturae* del naturalista svedese Linneo, nel XVIII secolo, che nasce la sistematica scientifica moderna. Attraverso tredici edizioni Linneo costruisce un catalogo generale delle specie viventi, animali e vegetali (e anche delle non viventi; il sistema linneano comprende i minerali) e fonda una nuova scienza, la tassonomia.

I tassonomi, a partire da Linneo, confrontano l'anatomia, la fisiologia e oggi anche i geni dei diversi organismi. Sulla base di questi confronti danno un nome alle specie e le raggruppano in generi, i quali a loro volta sono raggruppati in famiglie, ordini, classi, phyla, e infine nei grandi regni dei viventi. I nomi scientifici comunemente usati sono il genere (con l'iniziale in maiuscolo) e la specie. Noi siamo *Homo sapiens*, l'unica specie vivente del genere *Homo*. Coi gorilla (*Gorilla gorilla*), gli scimpanzé (*Pan troglodytes*), gli scimpanzé pigmei, o meglio bonobi (*Pan paniscus*) e gli orangutan (*Pongo pygmaeus*) costituiamo la famiglia degli Ominidi, che appartiene all'ordine dei Primati, alla classe dei Mammiferi, al phylum dei Cordati e al regno dei Metazoi, gli animali pluricellulari (contrariamente a quanto ci insegnavano alle elementari, pare proprio che i regni dei viventi siano cinque e non due). Al di sotto della specie c'è la razza o sottospecie.

All'epoca di Linneo la parola razza non ha un significato preciso. C'è chi la usa, per esempio Buffon, come sinonimo di specie, o a volte anche di nazionalità, ma l'idea che esistano sottospecie o varietà geografiche è già presente, e sono queste sottospecie che, da un certo momento in poi, saranno chiamate razze. Secondo Bernasconi, la distinzione chiara fra razza e specie si deve a Kant e arriverà nel 1775. Ma già nell'edizione del 1758 del *Systema naturae* Linneo colloca l'uomo fra i Primati, scelta curiosamente rimproverata soprattutto a Darwin che non

era ancora nato, e propone una classificazione dell'umanità in sei razze, che lui chiama varietà; americana, europea, asiatica, africana, selvaggia e mostruosa. L'ultima razza comprende casi di malformazioni congenite, la penultima, per strano che possa sembrare, rappresenta un lodevole scrupolo scientifico. Nel settecento non mancano descrizioni di creature bizzarre, e ce n'è un'eco anche nel Barone rampante di Italo Calvino: uomini dei boschi, uomini-scimmia, uomini-orso; non siamo al centauro, ma poco ci manca. Per la sua opera vastissima, Linneo non era in grado di controllare direttamente tutte le informazioni, e così registra diligentemente quello che legge. Il tempo gli darà torto, ma non si può essere troppo severi nel giudicarlo perché la scienza funziona così. A parte selvaggi e mostruosi, la sua descrizione delle quattro razze principali si basa sul colore della pelle, rossa, gialla, nera e bianca, ma porta con sé delle implicazioni psicologiche. Gli indigeni americani sono descritti come testardi, liberi e governati dalle tradizioni. Gli asiatici sono malinconici, perfidi e governati dalle opinioni. Gli africani sono negligenti, passivi, imbrogliatori e governati dall'impulso. Gli europei sono intelligenti, inventivi e governati dalle leggi. Dunque, fin dal suo esordio, la classificazione razziale umana fatica a mantenersi sul terreno della biologia per debordare in quello della psicologia di gruppo, con una tendenza a stabilire gerarchie di valore, all'interno delle quali gli europei se la cavano sempre bene o addirittura benissimo. I sistemi successivi confermeranno questa tendenza. Linneo divide la nostra specie in varietà corrispondenti a quattro continenti. Manca l'Oceania, ma ci penserà Blumenbach che, nonostante una terminologia piuttosto fantasiosa (chiama etiopi gli africani, malesi gli australiani, e caucasici gli europei e gli abitanti dell'Asia occidentale) vede essenzialmente il mondo diviso in cinque, con una corrispondenza chiara (e irreversibile: uno fa parte di una razza dalla nascita e non potrà cambiarla) fra i continenti e i tipi umani che vi si trovano. Come abbiamo visto nel terzo capitolo,

tipo è una parola importante in questo contesto. Anche se la classificazione è un'attività aristotelica, Blumenbach e quasi tutti quelli che seguiranno sono implicitamente platonici. Vedono nell'umanità l'eco di tipi ideali, non molti, a cui gli individui reali si avvicinano in maniera diversa. Lo scopo dell'antropologia è individuare questi tipi e descriverne le caratteristiche in modo da arrivare a una soddisfacente descrizione dell'umanità tutta, che in questo modo risulterà per forza divisa in entità discontinue perché discontinue sono le caratteristiche dei tipi ideali. In altre parole, si dà per scontato che si possa rappresentare l'umanità come la parte sinistra di figura 2.

Prima di Blumenbach, Buffon propone un sistema a sei razze, in cui i lapponi sono distinti dagli altri europei. Qualche decennio dopo, Cuvier proporrà di ridurre il numero a tre, bianchi, neri e gialli, e Thomas Huxley a quattro, con gli europei definiti xantocroidi e cioè di capelli biondi (i bruni mediterranei sarebbero il risultato di un'ibridazione con i neri). A Huxley delle razze importava poco, tanto è vero che il suo contributo a questo tema sta in tre paginette, all'interno di una bibliografia sterminata. Ma con l'entrata in scena di questi grandi nomi dell'anatomia comparata e dell'evoluzione emergono le prime preoccupazioni metodologiche. Affiora la consapevolezza che le razze non sono

del tutto ovvie, che per riconoscerle bisogna lavorare su più caratteristiche e non su una sola, e che bisogna definire una metodologia condivisa per studiarle. A partire da Blumenbach e lungo tutto il XIX secolo ci si concentrerà soprattutto sulla morfologia del cranio. Si formeranno raccolte di crani provenienti da tutto il mondo, si svilupperanno strumenti di misurazione, e con Paul Broca la craniologia raggiungerà la maturità abbandonando il creazionismo e abbracciando decisamente l'evoluzionismo. Broca e Francis Galton introducono metodi quantitativi che spostano l'accento dal semplice riconoscimento dei tipi all'analisi statistica dei caratteri

nelle popolazioni. Paul Broca è forse il primo a prendere coscienza di un problema con cui gli studi razziali continueranno a lungo a misurarsi (o magari a scegliere di non misurarsi). Dicevamo che non è difficile individuare tipi umani differenti, distinguere un senegalese tipico da uno svedese tipico. Il problema è che non tutti i senegalesi o gli svedesi hanno la pelle dello stesso colore, la stessa forma del cranio, e rappresentano ugualmente bene il tipo ideale. Ogni popolazione è variabile: nessuno corrisponde perfettamente al tipo ideale, e molti tendono ad assomigliare, per un aspetto o per un altro, ad altri tipi. Le prime classificazioni si basano sul colore della pelle e su pochi aspetti dell'anatomia, con Broca l'attenzione si sposta sulle misure craniometriche, e in particolare sul rapporto fra lunghezza e larghezza del cranio, da cui la celebre classificazione in dolicocefali a cranio lungo e brachicefali a cranio corto. Ma anche qui, fatti un po' di calcoli, ci si accorge che all'interno di ognuna delle razze proposte c'è davvero molta variabilità. Ce n'è così tanta che, in parecchi casi, membri di razze differenti risultano più simili fra loro di membri della stessa razza. È un bel guaio.

Tante razze

Per oltre un secolo da quel momento, gli antropologi reagiscono a questa difficoltà soprattutto coniando nuovi nomi per nuove razze. I grandi viaggi di esplorazione mettono in contatto gli scienziati, europei e nordamericani, con popolazioni sconosciute, le cui caratteristiche si collocano spesso a cavallo fra quelle delle razze precedentemente descritte. Quando la coesistenza di gente troppo diversa nella stessa razza diventa impraticabile si finisce per battezzare una nuova razza, ma dopo un po' il problema si ripropone, e bisogna pensare a un'altra razza e poi a un'altra ancora. Così, con gli anni, il numero delle

razze aumenta. Deniker nel 1900 ne conta già 29 di cui sei europee, von Eickstedt nel 1937 arriva a 38. Per l'esposizione Universale del 1933, il Field Museum of Natural History di Chicago commissiona alla scultrice Malvina Hoffmann statue a grandezza natura le che descrivano tutte le razze dell'umanità. Consigliata dagli antropologi del Museo, la Hoffmann parte per un viaggio che la porterà in giro per tutto il mondo alla ricerca di modelli, e infine realizza, fra bronzi e marmi, 104 figure. Secondo Molnar, nel XX secolo si toccano, in alcuni sistemi, le duecento razze. Questa crescita numerica non può non creare una certa confusione. Le tre razze di Cuvier avranno tanti problemi, ma non si può dire che siano complicate: bianchi, neri e gialli. Se si riconoscono decine di razze, come fanno Deniker e von Eickstedt, bisogna definirle in termini ben più complessi, per esempio "di pelle bruna, ricciuti, mesocefali, naso moderatamente largo" (sarebbero gli australoidi), e che fare poi quando si incontra in mezzo a loro un individuo dal naso smodatamente largo? Insomma, man mano che la specie umana viene suddivisa in tante razze, diventa indispensabile riorganizzare le cose con più criterio. Allora emerge l'idea che non tutte le razze siano equivalenti: esisterebbero invece grandi e piccole razze, dove per grandi si intendono tre o quattro raggruppamenti principali (europei, asiatici e africani ci sono sempre, a volte raggiungono questo status anche gli australiani) e per piccole tutte le altre, che di norma, ma non sempre, stanno all'interno delle grandi.

Von Eickstedt aggiunge un ulteriore livello di complessità gerarchica, dividendo le sue razze in gruppi razziali principali, che secondo lui sono tre, all'interno dei quali si trovano razze secondarie, razze particolari e forme intermedie, queste ultime frutto di ibridazione fra popolazioni di razze differenti, per un totale di 38 sottospecie distinte. I mediterranei sono chiamati *Homo sapiens pelagius*, gli alpini *Homo sapiens alpinus*, e le

popolazioni di lingua khoisan dell'Africa sud- occidentale, boscimani e ottentotti, sono curiosamente messe fra i mongolidi col nome di *Homo sapiens hottentotus*. (Piccolo inciso: come chiamare questi ultimi gruppi pone tuttora un problema delicato, perché la comunità boscimane non possiede, nella propria lingua, una parola per definire se stessa. Come abbiamo visto, boscimane, bushman, è un termine spregiativo introdotto dai coloni europei nell'ottocento per definire creature che si ritenevano subumane. La parola khoisan fonde i nomi con cui si definiscono i gruppi linguistici san, cioè boscimani, e khoikhoi, cioè ottentotti: due famiglie linguistiche caratterizzate da suoni secchi, non vocalici né consonantici, che i linguisti chiamano clicks. Ma anche san è un nome attribuito con intenti denigratori, al punto che alcuni san preferiscono francamente il termine tradizionale bushmen. Da adesso in poi li chiameremo khoisan).

Ma quando si ragiona su 38 sottospecie i confini fra un livello gerarchico e l'altro, e fra una razza e l'altra, diventano ambigui e a volte impalpabili. Provate a inventare un criterio tematico che vi permetta di suddividere in 38 album le fotografie della vostra vita, e di ritrovare poi facilmente quella che cercate. Nella ricerca di caratteri che finalmente permettano di discriminare fra le razze e arrivare a un catalogo universalmente accettato non mancano alcune eccentricità. Nel 1909 un etnologo inglese, A.C. Haddon, propone di ricominciare dalla forma del capello. Le tre razze principali sarebbero perciò gli Ulotrichi (divisi in due razze minori, Orientale e Africana), i Cimotrichi e i Leiotrichi (questi ultimi divisi ciascuno in tre piccole razze a seconda della forma del cranio, brachicefalo, mesocefalo o dolicocefalo). Fra gli inglesi, molto colpiti dalla presenza di individui di bassa statura nelle isole Andamane (uno di loro interpreta un ruolo importante anche in un'avventura di Sherlock Holmes, *Il Segno dei Quattro*), gli andamanesi sono spesso visti come razza a parte.

Troppe razze

A fianco di questi tentativi che, per quanto bizzarri, si ispirano a criteri comunque riconducibili alla scienza, ci sono poi proposte con le quali la scienza c'entra poco. Tanto per citarne una, alla fine dell'ottocento Fritsch arriva a concludere che ci sono razze protomorfe o primitive, razze arcimorfe o dominatrici, e razze metamorfe o miste. Le razze arcimorfe, quattro negroidi, sei mongoloidi e tre caucasoidi, avrebbero uno sviluppato istinto per la migrazione. Il loro nomadismo le avrebbe portate a colonizzare vaste regioni del pianeta e a dominare sulle protomorfe che, essendo sedentarie, si sarebbero confinate in aree più ristrette. La tendenza espansiva delle razze arcimorfe avrebbe condotto i loro membri a incontrarsi e a mescolarsi, formando le razze metamorfe. Anche fra le razze protomorfe ci sarebbe una gerarchia, con gli australiani più simili alle forme umane ancestrali perché staccatisi per primi dal tronco degli arcimorfi, seguite dai papuani e dai boscimani, da un terzo gruppo derivato dai negroidi, e da un quarto derivato dai mongoloidi dove troviamo ainu, vedda, dravidici e, un po' a sorpresa, baschi e celti.

Se ho fatto bene i conti, lasciando da parte le razze metamorfe, e visto che le razze protomorfe sono tredici, il totale sarebbe venticinque, ma non è facile orizzontarsi in una classificazione così complessa, visto che poi, nel lavoro di Fritsch e in quello del suo seguace olandese Stratz, si aggiungono di punto in bianco ai protomorfi anche altre razze come akka, obongo e batua in Africa, gli indigeni del Queensland in Australia, i quang, i senoi, i kubu-kubu, gli hieng, e i miao-tse in Asia, i makuk, le tribù ge del Brasile e i fuegini in America. Fra i protomorfi europei, secondo Fritsch, avremmo la razza Neandertal, quella alpina, una misteriosa razza nana europea, e, altra sorpresa, i "lapponi che vivono in capanne di pietra". Sicuramente metamorfi, cioè ibridi, sarebbero i finno-ugrici, i

berberi, gli ebrei, e anche gli etiopici che, nel sistema di Blumenbach, erano invece serviti da prototipo degli africani. Nel proporre questa classificazione, Fritsch e Stratz dispongono di dati chiaramente insufficienti, ma non esitano a integrarli con la fantasia. Per esempio, non c'era ai loro tempi e non c'è oggi alcuna evidenza che, nel corso della loro storia, gli esponenti della cosiddetta razza mediterranea (una delle razze arcimorfe, cioè mobili) siano stati più propensi a espandersi e migrare, diciamo, dei fuegini, secondo Stratz protomorfi e perciò sedentari, ma che in qualche modo dovranno pur esserci arrivati fino alla Terra del Fuoco. Ma ciò non basta a fargli venire qualche dubbio: o, se basta, non lo danno a vedere.

È evidente che a questo punto la classificazione razziale è diventata un esercizio esoterico. Darwin se ne era accorto, e ne aveva preso nota con ironia: "L'uomo è stato studiato più di qualsiasi altro animale, eppure c'è la più grande varietà di giudizi fra le persone competenti, riguardo a se possa essere classificato come una singola razza, oppure due (Virey), tre (Jacquinot), quattro (Kant), cinque (Blumenbach), sei (Buffon), sette (Hunter), otto (Agassiz), undici (Pickering), quindici (Bory de St-Vincent), sedici (Desmoulins), ventidue (Morton), sessanta (Crawfurd), o sessantatré, secondo Burke". Quando non si capisce più quante razze esistano, quando si favoleggia di migrazioni senza uno straccio di evidenza a suggerirle, va persa anche la possibilità di verificare, dati alla mano, se i membri della razza X differiscano o no da quelli della razza Y. Il contesto sociale e politico non aiuta. Nella stagione in cui sbocciano nazionalismi e tendenze egemoniche, le posizioni di naturalisti e antropologi si intrecciano con quelle di linguisti, patrioti, storici e capipopolo, e il risultato è un minestrone in cui non si riesce più a discriminare fra scienza e ideologia. La razza ariana, a cui si attribuiscono via via origini caucasiche, lituane, balcaniche e scandinave, è l'entità più controversa, difesa e attaccata con uguale enfasi, tanto che Max Müller, inizialmente suo

propugnatore, in età più avanzata scrive che parlare di una razza o di un sangue ariano è un peccato pari a quello che commetterebbe un linguista che definisse brachicefala una grammatica. I dati non contano più: per Giuseppe Sergi gli antichi liguri sono dolicocefali e quindi africani, per Taylor e H. D'Arbois de Jubainville brachicefali e quindi europei. In polemica contro il classicismo, Nietzsche sosterrà provocatoriamente che i greci sono di origine mongolica e troverà qualche buon appiglio negli studi anatomici dell'inglese Draper.

Nessuna razza?

Non è un caso, credo, se verso la fine dell'ottocento comincia a montare una certa insoddisfazione per la direzione presa da queste ricerche, che porterà (solo nel corso di un secolo, però) a dubbi sempre più radicali, riassunti dal titolo di un articolo del 1962 di Frank Livingstone: "Sull'inesistenza delle razze umane". Prima di lui, ancora durante la seconda guerra mondiale, Ashley Montagu aveva scritto che nell'uomo la razza è un costrutto sociale e non un dato biologico. Risale al 1961 il primo tentativo serio di vederci chiaro. Newman sottopone a verifiche sistematiche il catalogo a nove razze di Garn, andando a vedere se individui di cui erano state studiate parecchie caratteristiche morfologiche formino o meno gruppi corrispondenti alla loro

affiliazione razziale. La conclusione era stata: sì e no. Tre razze sembravano stare in piedi (asiatici, amerindi e africani), tre meno (melanesiani, polinesiani e micronesiani), mentre tre venivano battezzate come "astrazioni senza fondamento" (europei, indiani e australiani). Newman aveva concluso prudentemente che sono necessari nuovi caratteri per definire meglio le razze, ma non si era accorto di avere messo il dito sulla piaga: chiunque riesce facilmente a individuare gruppi di persone con una caratteristica in comune, per esempio lo stesso colore

della pelle, ma se si considera un'altra caratteristica, per esempio la forma del cranio, i gruppi non sono gli stessi. Quali saranno allora i gruppi veri, le vere razze umane?

Livingstone riprende questa osservazione, la discordanza nella variabilità di caratteri diversi, e ne trae tutte le conseguenze. Si parla di variabilità concordante se i diversi caratteri sono correlati, nel qual caso una classificazione basata su uno di loro sarebbe confermata anche dagli altri caratteri. Caratteri correlati sono, per esempio, la lunghezza del braccio destro e quella del sinistro nello stesso individuo, o le dimensioni delle mani e dei piedi: chi ha il braccio destro lungo ha lungo anche il sinistro. Sono meno correlati colore degli occhi e dei capelli, perché in prevalenza occhi e capelli sono entrambi chiari o entrambi scuri, ma ci sono molte eccezioni. Se le consideriamo tutte insieme, nota Livingstone, le caratteristiche morfologiche umane variano in maniera discordante: conoscendo la statura media di una popolazione non se ne riesce a prevedere il colore della pelle o il gruppo sanguigno. Perciò, a seconda del carattere considerato, variano il numero e la definizione delle razze. Se servisse, gli studi successivi su proteine e DNA ne forniranno una chiara conferma.

Insomma, catalogare il nostro prossimo in base a una sua caratteristica è facile, ma trovare una classificazione che valga in generale, cioè indipendente dai caratteri scelti, o è impossibile, o è così difficile che ancora nessuno c'è riuscito. Questo non significa che non esista variabilità biologica, ma piuttosto che questa variabilità deve essere descritta in termini diversi, cioè come una variazione graduale e continua nello spazio geografico. Dopo Livingstone e Ashley Montagu, non descrivere la diversità biologica umana in termini razziali diventa un vero programma di ricerca, alternativo a quello dominante fino a quel momento. Piccola parentesi localistica. Nel corso della sgangherata impresa coloniale italiana in Africa, i nostri avevano avuto occasione di viaggiare e di studiare popoli diversi. Era servito. Anche in riviste

propagandistiche dell'epoca fascista come la famigerata La difesa della razza, la presenza, assieme a molte schifezze, di articoli scritti in maniera competente. Il frutto più maturo di questa scuola, che però annovera anche uno degli ultimi poligenisti superstiti, Giuseppe Sergi, è la monumentale opera di Renzo Biasutti. Dopo una dettagliata disamina critica dei sistemi precedenti, Biasutti propone un catalogo che comprende quattro gruppi umani principali (forme primarie equatoriali, forme primarie boreali, razze derivate sub equatoriali, razze derivate del Pacifico e dell'America), suddivisi al loro interno in rami, ceppi e razze, le quali ultime raggiungono il numero, ragguardevole, di 53. Non mancano le sottorazze, né l'indicazione, quando possibile, di forme preistoriche associate, sia geograficamente sia morfologicamente, con ciascuna razza. L'opera classificatoria di Biasutti dimostra da un lato un'erudizione sterminata, che spazia dall'archeologia alla linguistica, dall'antropologia classica ai rudimenti della genetica. Ma dall'altro, un sistema a 53 razze (o più) si avvicina a essere indimostrabile. Più sono le razze, più sottili le loro differenze. Siccome i caratteri non variano in maniera concordante, sono rari gli individui che, possedendo tutte le caratteristiche necessarie, possano essere attribuiti con qualche sicurezza a una certa razza. Ci sono addirittura casi in cui membri della stessa famiglia vengono classificati in razze differenti, tanto che negli anni sessanta Theodosius Dobzhansky finisce per ironizzare sui tipi razziali presenti secondo alcuni nella popolazione irlandese: "Prevalenza di celtici, nordico-mediterranei, dinarici e nordico-alpini, mentre tipi nordici puri, predominantemente nordici, baltici, e mediterranei puri vengono osservati a basse frequenze".

E allora?

In conclusione, verso la fine degli anni sessanta dello scorso secolo, il concetto di razza è molto mal definito e sul numero di

razze umane ognuno dice la sua. A questa grande confusione hanno contribuito fattori psicologici, pressioni politiche e miti di identità nazionale, ma anche obiettive difficoltà scientifiche. La prima e principale è che, come si è visto, non ci vuole un grande sforzo per definire tipi umani abbastanza rappresentativi di un continente, di una regione e a volte anche di una comunità isolata come i baschi o i pigmei. In Fig. 3 vediamo sei di questi tipi, e i miei studenti non hanno difficoltà a collocarne quattro o cinque nel continente d'origine. Ma intorno a questi tipi la variabilità è grande. Nessun gruppo umano, comunque lo definiamo, è costituito da persone tutte uguali, e tracciargli intorno linee di confine si è rivelata un'impresa problematica o proibitiva.

Figura 3. Aspetto fisico di sei membri della nostra specie, provenienti, dalla sinistra in senso orario, da Africa subsahariana, America, Europa, Melanesia, Asia e Africa sud-occidentale. L'individuo in basso a sinistra è un khoikhoi o ottentotto (da *The Cambridge Encyclopedia of Human Evolution*, Cambridge University Press 1992).

Questi problemi vengono accentuati da una seconda difficoltà, e cioè dal fatto che i caratteri morfologici variano in maniera discordante. Due caratteri molto popolari nei primi studi razziali sono colore della pelle e statura. Le regioni in cui la pelle è più scura sono nell'Africa centro-occidentale e in Nuova Guinea. Vuol dire che i loro abitanti sono della stessa razza? Bisognerebbe che si assomigliassero anche per altri caratteri. Ma se passiamo alle stature, vediamo che non è così. Usando la statura come criterio di confronto, le popolazioni dell'Africa centrale sarebbero piuttosto apparentate ad alcune popolazioni indiane d'America, nel nord e nel sud, che però sono di pelle chiara. Esistono metodi statistici per cercare di mettere un po' d'ordine in questi confronti, ma non servono a molto.

E poi c'è una terza difficoltà che dipende dai dati stessi che si potevano raccogliere, dalle misure scheletriche e morfologiche di cui potevano disporre gli antropologi. Come abbiamo visto nel capitolo precedente, occorrono caratteristiche stabili ed ereditarie, non parametri che fra dieci anni saranno diversi negli stessi individui in cui li abbiamo misurati, o nei loro figli. E invece una dieta più o meno ricca nell'età dello sviluppo, una malattia o una parassitosi, un diverso esercizio fisico, lasciano un segno sulla forma e sulle misure del cranio e dello scheletro, rendendo il quadro sempre più instabile. Gli effetti dell'ambiente possono essere molto rapidi. All'inizio del novecento, Franz Boas,

un antropologo americano di origine tedesca, misura 13.000 crani di bambini nati in America e dei loro genitori nati in Europa e conclude che in media i bambini si assomigliano fra loro più di quanto ciascuno assomigli ai genitori. La forma del cranio, scrive Boas, è un carattere plastico, cioè, diremmo oggi, è determinato da geni la cui azione è fortemente influenzata dall'ambiente. I risultati di Boas sono stati rimessi in discussione e rianalizzati di recente, e c'è chi sostiene che non fossero così chiari. Di certo, dimostrano almeno che la forma del nostro cranio non sta scritta solo nei geni e può bastare una generazione in un ambiente diverso per rimescolare le carte.

Negli anni sessanta si sviluppano le tecniche di laboratorio che permetteranno di studiare come variano le proteine, e più tardi il DNA, nelle popolazioni: caratteri stabili e non influenzati dall'ambiente, caratteri ideali per valutare se esistano razze biologiche nell'uomo. Anche la metodologia statistica si affina, permettendo ai ricercatori di analizzare i loro dati con procedure riproducibili e meno dipendenti da criteri soggettivi. Nel 1966, Luca Cavalli-Sforza pubblica il primo albero evolutivo umano ricostruito sulla base dei gruppi sanguigni, cioè una rappresentazione grafica delle relazioni fra otto popolazioni dei cinque continenti, dedotte dall'analisi del prodotto proteico di 13 geni. Sembrano esserci tutte le condizioni per riportare il

dibattito sulla razza dal piano dell'ideologia o dell'arbitrio a quello della scienza. Ma a metà degli anni sessanta lo studio della diversità umana si è perso in un labirinto di teorie complicate e discordanti. Nel momento in cui diventa tecnicamente possibile farlo, lo scienziato che volesse prendere sul serio le classificazioni razziali e provare a vedere, dati alla mano, se funzionano, si troverebbe nelle condizioni dell' "uomo tenace" di cui ci racconta Chuang-Tse, che in tre anni di sforzi sovrumani apprende l'arte di uccidere draghi e poi, in tutto il resto della vita, non trova occasione di esercitarla.

Note

Ho trovato molte informazioni storiche sul concetto di razza e sulle classificazioni razziali in Claudine Cohen, "Les races humaines en histoire des sciences", in Aux origines d'Homo sapiens,

a cura di Jean-Jacques Hublin e Anne-Marie Thierry, pagg. 9-47 (Presses Universitaires de France 1991); in Robert Bernasconi, Concepts of Race in the Eighteenth Century (Thomas

Press 2001); e in Claudio Fogliano, L'ossessione della razza. Antropologia e genetica nel XX secolo (Edizioni della Normale 2005). Ho letto della possibile etimologia araba della parola razza in un articolo di Giuseppe Bedeschi, "Ma che razza di idea!" sul Sole-24 Ore di domenica 18 giugno 2006. Le osservazioni di Erodoto sulla relativa fragilità dei crani egizi e persiani sono riportate nelle Storie, Libro III, 12.

L'articolo di Thomas Huxley sulle razze, "Anthropogenie", è comparso sulla rivista Academy, 7, 16-18 (1875). La descrizione del sistema di Fritsch viene, un po' a sorpresa, da un sito cattolico, <http://www.newadvent.org/cathen/12620b.htm>, ma è confermata dal testo di Renato Biasutti, Razze e popoli della

terra (Utet 1958). Sulle confuse polemiche di fine ottocento è istruttivo leggere di Andrea Orsucci (1998) Ariani, indogermani, stirpi mediterranee: aspetti del dibattito sulle razze europee (1870-1914). Cromolos 3, 1-9. La Sala

dell'Uomo al Museo di Chicago, grande attrazione all'esposizione Universale del 1933 e smantellata nel 1968, è descritta in questo sito: http://ucmedia1.ucxonline.berkeley.edu/new/new_main2002.html#movie38544. La frase di Darw in viene dal settimo capitolo di The descent of man, and selection in relation to sex (John Murray 1871).

Frank Livingstone ha pubblicato il suo articolo "On the nonexistence of human races" su Current Anthropology 3: 279-281 (1962). Il libro di Ashley Montagu, Man's Most Dangerous

Myth : the fallacy of race (ultima edizione Altamira Press 1997) è tradotto in italiano col titolo La razza. Analisi di un mito (Einaudi 1966). Il primo albero evolutivo umano ricavato da dati genetici è in Luigi Luca Cavalli-Sforza (1966), Population structure and human evolution, Proceedings of the Royal Society B 164: 362-379, ed è ripreso, assieme a molto altro, nel

fondamentale volume di Cavalli-Sforza con Paolo Menozzi e Alberto Piazza, History and Geography of the Human Genes (Princeton University Press 1993), traduzione italiana: Storia e

geografia dei geni umani (Adelphi 1997). La storia dell'uccisore di draghi è riportata da Jorge Luis Borges nel suo Manuale di zoologia fantastica (Einaudi 1962). In questo capitolo ho fatto un po' il furbo: Linneo era un creazionista, Darw in un evoluzionista. Non c'è dubbio che, per una mentalità oscurantista, piazzare l'uomo di fianco alle grandi scimmie antropomorfe senza altri commenti, come fa Linneo, disturba meno che immaginare un antenato comune all'uno e alle altre, come fa Darw in. Franz Boas ha confrontato i crani di sette gruppi di immigrati: boemi, italiani del centro, polacchi, ungheresi, scozzesi, siciliani ed ebrei del centro Europa, nel volume Changes in the

bodily form of descendants of immigrants (Columbia University Press 1912). Il dibattito sui risultati di Boas e sulla loro interpretazione è in C.S. Sparks and R.L. Jantz (2002), A

reassessment of human cranial plasticity: Boas revisited. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 99: 14636-14639, e in C.C. Gravlee, R.H. Bernard and W.R. Leonard

(2003), Heredity, environment and cranial form: A reanalysis of Boas's immigrant data. American Anthropologist 105: 125-138, ed è riassunto nel già citato, ottimo libro di testo di John

Relethford The human species, 6th edition (McGraw -Hill 2005).

6. Cosa ci dicono i geni

Dove si sostiene che nei geni non si trovano razze

Ogni anno, a un certo punto del suo corso di evoluzione, Massimo Pigliucci chiede agli studenti della State University di New York a Stony Brook come farebbero a dimostrare che nell'aula non è presente un cavallo immateriale invisibile. Gli studenti escogitano varie soluzioni, spesso ingegnose, fra cui la più brillante mi sembra l'idea di riempire l'aula d'acqua fino al soffitto. Se il volume dell'acqua risultasse inferiore a quello teorico, ottenuto moltiplicando fra loro i lati della stanza, quello che manca sarebbe il volume del cavallo invisibile. Però, ahimè, neanche questo trucco funziona, perché il cavallo, oltre che invisibile, è immateriale, e dunque per lui non vale il principio dell'impenetrabilità dei corpi. Alla fine della lezione, gli studenti in genere si convincono che non è detto che qualunque domanda ammetta una risposta scientifica. La scienza si occupa di trovare soluzioni dimostrabili sperimentalmente: l'esistenza di un cavallo immateriale invisibile, non solo in quell'aula ma ovunque, non può essere provata scientificamente, e così pure la sua inesistenza. Lo stesso vale per l'esistenza o l'inesistenza dell'anima.

Questo piccolo preambolo ci serve a mettere in chiaro che la scienza ha bisogno di dati solidi per poter dare risposte valide, e "valido" vuol dire riproducibile indipendentemente da diversi ricercatori. Se non ci sono i dati non ci possono essere neanche i risultati, e se i dati sono scadenti lo saranno anche i risultati.

Quindi la scienza al momento non può rispondere alla domanda: quanto della nostra intelligenza dipende dai nostri geni? Non può perché non conosciamo abbastanza le basi genetiche dell'intelligenza, quanti e quali siano i geni che influenzano le nostre capacità intellettuali, e quanto continuo lo studio e la formazione (anche se naturalmente qualche idea in proposito ce l'abbiamo). Per tutto il settecento, l'ottocento e buona parte del novecento, l'esistenza e la definizione delle razze sono state, allo stesso modo, un problema impossibile da affrontare in maniera rigorosa, perché non c'erano i dati giusti. Le misure morfologiche si contraddicono e si prestano a diverse interpretazioni, come dimostrato dal vasto numero di cataloghi razziali in conflitto fra loro, e i dati genetici erano scarsi o inesistenti. Solo alla fine degli anni sessanta si comincia a conoscere abbastanza bene il nostro genoma da potersi porre queste domande in maniera scientifica. Da dove vengono i dati giusti? Fino a qualche anno fa si partiva da qualche goccia di sangue, oggi basta strofinare all'interno della bocca un batuffolo di cotone e così raccogliere cellule della mucosa. Sangue o mucosa vengono poi trattati in laboratorio in modo da estrarne il DNA e isolare il pezzo che ci interessa (non dimentichiamo che il genoma è molto grande e ogni volta se ne studiano dei pezzetti piccoli). Una volta ottenuto il pezzetto che ci interessa, si passa a un'analisi chimica che porta a leggere le basi che costituiscono la sequenza, le A, C, G e T, che compongono quel tratto di DNA. Molte di queste basi sono identiche in tutti gli individui della stessa specie. Altre però sono variabili, cioè possono essere diverse da individuo a individuo, e anche nei due diversi cromosomi di ognuno di noi: un cromosoma avrà in una certa posizione, poniamo, una A e un altro cromosoma, dello stesso individuo o di un altro, nella stessa posizione avrà una G. Si parte da qui, dalle differenze genetiche o polimorfismi, come illustrato nella figura 4. Varianze genetiche

È stato Richard Lewontin, un genetista di Harvard, a mettere a punto il metodo statistico per poter misurare sulla base dei geni

quanto le razze siano diverse fra loro. L'idea è semplice: si confronta ogni individuo con tutti gli altri, e si contano le loro differenze. Se, per esempio, partiamo da un campione di 100 individui, si tratterà di fare 100 per 99 confronti.

Figura 4. In alto, tre possibili sequenze di un tratto di DNA.

Molte delle trenta basi sono identiche in tutte e tre le sequenze, ma due basi (in grassetto) sono variabili. Contando quante basi sono diverse in due individui possiamo misurare la loro distanza genetica. In basso, ogni simbolo rappresenta un individuo di quattro popolazioni, contrassegnate da cerchi, quadrati, triangoli ed esagoni, mentre il colore (bianco o grigio) indica che sono attribuiti a due gruppi, razziali o continentali. Le linee punteggiate indicano confronti fra individui della stessa popolazione, le linee tratteggiate fra individui di popolazioni diverse nella stessa razza o continente, le linee continue fra individui di razze o continenti diversi.

Non tutti questi confronti sono equivalenti. Se disponiamo di individui provenienti un po' da tutto il mondo, possiamo confrontare fra loro membri della stessa popolazione, oppure membri di due popolazioni diverse che sono considerate parte della stessa razza, o di razze diverse. In figura 4, persone che fanno parte della stessa popolazione sono collegate da linee punteggiate (in realtà, bisogna confrontare ognuno con tutti gli altri), le linee tratteggiate uniscono persone di popolazioni diverse della stessa razza, e le linee continue persone di razze diverse. Quindi, ci sono tre confronti principali, e tre numeri importanti da calcolare.

Si tratta di misurare tutte queste differenze e poi farne la media. Supponiamo che fra due persone della stessa popolazione (linee punteggiate) si trovino, in media, 50 differenze, e fra due persone di popolazioni diverse (linee tratteggiate) se ne trovino 60. Vorrà dire che appartenere a due popolazioni diverse

comporta, in media, 10 differenze in più di quelle che si trovano quando si confrontano i DNA di due membri della stessa popolazione. Se poi fra due persone di razze diverse (linee continue) si trovano 100 differenze, il fatto di appartenere a razze diverse comporta un aumento di $100-60=40$ differenze. In questo modo, possiamo suddividere in tre componenti la variabilità genetica, corrispondenti alle differenze medie (tecnicamente: alle varianze) fra due individui nella stessa popolazione (50%, nel nostro caso), all'effetto della variabilità fra popolazioni della stessa razza (10%) e all'effetto della variabilità fra razze diverse (40%).

Queste terne di numeri ci permettono di affrontare scientificamente la nostra domanda perché, analizzando gli stessi dati con questa metodologia, diversi ricercatori otterranno gli stessi risultati. Se le razze ci sono, la varianza fra razze sarà grande, se non ci sono sarà piccola. (Pensate alle lumache dei Pirenei: abbiamo detto che in questa specie ci sono razze perché ci sono grandi differenze fra popolazioni e scarsa variabilità al loro interno, mentre nel krill le razze non ci sono perché le differenze fra popolazioni sono piccole, anzi, nulle, e la variabilità interna è grande). Attenzione: "grande" e "piccola" sono parole un po' generiche. Verrebbe da pensare che, per uno studio scientifico, servano definizioni più precise. Proporrei, per il momento, di accontentarci e vedere se fra le razze umane saltino fuori differenze "grandi" o "piccole". Casomai, se le cose non fossero abbastanza chiare, in seguito a specificare meglio quanto grandi, o quanto piccole, debbano essere queste differenze.

Nel 1972 Lewontin decide di analizzare come variano 17 geni, i 17 geni all'epoca meglio conosciuti, in tutte le popolazioni umane studiate a quel momento. Oltre ai dati genetici gli serve un catalogo di razze e, come abbiamo visto, non ce n'è solo uno, ce ne sono tanti. Dopo essersi consultato con gli antropologi, Lewontin opta per confrontare fra loro sette razze: i caucasici

(che nel suo studio comprendono gli europei, ma anche le popolazioni del nord Africa e dell'Asia occidentale); gli africani al di sotto del Sahara; i mongoloidi; gli aborigeni dell'Asia del sudest (di pelle scura; fra di loro ci sono anche le popolazioni dell'India del sud); gli amerindi; gli abitanti dell'Oceania; gli aborigeni australiani. Fatti tutti i calcoli che abbiamo detto, Lewontin trova che certi geni sono più variabili, altri meno, ma, complessivamente, l'85% della variabilità genetica umana totale sta all'interno delle popolazioni. Appartenere a popolazioni diverse della stessa razza aggiunge un po' più dell'8% a questa variabilità, e appartenere a razze diverse aggiunge il restante 7%.

Dunque, i concetti di grande e piccolo saranno anche opinabili, ma qui c'è poco da fare: ottantacinque è molto più grande di sette, le differenze fra le sette razze rappresentano una piccola frazione della diversità genetica globale della nostra specie, mentre c'è moltissima variabilità all'interno delle singole popolazioni. Lewontin conclude il suo articolo con un paragrafo che negli anni successivi sarà al centro di polemiche accanite: "La nostra percezione che ci siano grandi differenze fra i gruppi e i sottogruppi umani, rispetto alle differenze interne a questi gruppi, è chiaramente una percezione deformata. Sulla base delle loro differenze genetiche, le razze e le popolazioni umane sono notevolmente simili le une alle altre, mentre la parte di gran lunga maggiore della diversità umana è rappresentata da differenze fra individui. La classificazione razziale umana non ha alcun valore sociale e ha un chiaro effetto distruttivo sulle relazioni sociali e umane. Dato che adesso è dimostrato che questa classificazione non ha alcun significato genetico o tassonomico, non c'è nessuna giustificazione per mantenerla". Un po' per i suoi risultati inattesi, un po' anche per effetto di queste frasi così secche, al lavoro di Lewontin vengono immediatamente rivolte parecchie critiche. Sono di tre tipi. Le prime, e più serie, riguardano un possibile errore tecnico nel calcolo delle varianze genetiche. Qualche anno più tardi un

antropologo australiano, B.D.H. Latter, rifà i conti in maniera più corretta, aggiunge un diciottesimo gene che Lewontin non aveva considerato, e trova che la differenza fra razze è un po' più grande, 9%, quella fra popolazioni della stessa razza è un po' più piccola, 5,5%, e quella interna alle popolazioni è esattamente come l'aveva stimata Lewontin. Quindi l'errore c'era, ma non era tale da distorcere sul serio i risultati. Una seconda critica è che Lewontin è comunista: come si vede, buttarla in politica tirando in ballo cose che non c'entrano niente non è solo una specialità italiana. Qui c'è poco da dire: Lewontin è marxista e non ne ha mai fatto mistero, ma non si vede in che modo la sua ideologia possa influenzare i suoi dati, anche se ovviamente può influenzarne l'interpretazione; quindi, o si dimostra che

Lewontin ha falsificato i dati, o si lascia perdere; e Lewontin i dati non li aveva falsificati, tanto è vero che Latter ha ottenuto risultati praticamente identici. La terza critica è più sottile. Negli anni settanta lavorare direttamente sul DNA era difficile e costoso, e perciò si deducevano le differenze genetiche dal confronto fra proteine, non fra sequenze di DNA vere e proprie. Le proteine studiate da Lewontin, si diceva, non ce la raccontano giusta. Solo quando si potranno misurare direttamente sul DNA le differenze fra individui, popolazioni e razze sapremo veramente se la classificazione razziale ha o non ha, come scriveva Lewontin, "significato genetico o tassonomico". Fino ad allora, qualunque conclusione va presa con scetticismo. Nel frattempo un altro grande genetista, Masatoshi Nei, aveva fatto gli stessi conti su 25 diverse proteine, studiate in un campione diverso di individui, e considerando stavolta tre razze fondamentali: neri, bianchi e gialli. Nonostante queste differenze, il suo studio aveva confermato i risultati di Lewontin, con varianze un po' più basse fra popolazioni e un po' più alte fra razze (rispettivamente 86% entro popolazioni, 3% fra popolazioni e 11% fra razze, contro 85%, 8% e 6% di Lewontin). Ma certo c'era molta curiosità su quello che avrebbe potuto dirci

il DNA, una volta che fosse stato possibile studiarlo direttamente su vasta scala. Ci sono voluti quindici anni, ma alla fine questo lavoro è stato fatto. Luca Cavalli-Sforza ha raccolto e ci ha fornito dati su 109 regioni del DNA in sedici popolazioni dei cinque continenti (alla metà degli anni novanta il concetto di razza vacillava, e perciò abbiamo preferito raggruppare le popolazioni in base al continente). Arianna Magagni, una studentessa di statistica di Bologna che all'epoca lavorava con me alla sua tesi, ha curato l'analisi secondo il metodo proposto da Lewontin, con qualche piccolo cambiamento reso necessario dalla diversa natura dei dati. Trenta di queste 109 regioni del DNA stavano all'esterno dei geni, cioè erano comprese in quella parte del DNA che non codifica per proteine. In questo modo potevamo dare un'occhiata anche a quella frazione del genoma che gli studi sulle proteine avevano forzatamente trascurato. Il risultato è stato più simile a quello di Lewontin di quanto fosse lecito attendersi: 85, 5, 10. Ancora una volta, studiando un campione diverso di individui, e geni completamente diversi, stavolta descritti a livello del DNA, le differenze fra razze (o meglio, in questo caso, continenti) si rivelavano molto piccole, il 10% del totale, rispetto alla frazione della diversità genetica che troviamo all'interno di ogni popolazione, e che rappresenta in media l'85% del totale. Resta un 5% di differenze fra popolazioni dello stesso continente. Quindici anni dopo il lavoro di Lewontin trova conferma: DNA e proteine ci dicono la stessa cosa. Ma cosa ci dicono, precisamente? Cosa vuol dire?

Da allora a oggi sono stati fatti molti altri studi del DNA di varie popolazioni umane. Tutti hanno confermato con singolare precisione che l'85% della diversità genetica umana sta all'interno delle popolazioni, e una frazione molto più piccola, intorno al 10%, separa gruppi diversi, comunque li si voglia definire, cioè scelti sia in base alle classificazioni razziali tradizionali, sia in base ai continenti di appartenenza, sia in base alla lingua parlata. In uno studio recente condotto su 52

popolazioni, oltre mille individui e 377 geni diversi, Noah Rosenberg e i suoi collaboratori hanno anzi ottenuto varianze ancora più grandi all'interno delle popolazioni e più piccole fra continenti. Come si vede, i diversi studi non danno risultati identici. Questo non deve turbarci, perché ogni lavoro scientifico ha un suo errore sperimentale, un certo livello di imprecisione. I vari gruppi di ricercatori hanno analizzato individui diversi e geni diversi, e quindi non potevano aspettarsi di trovare esattamente le stesse varianze. Al contrario, è rassicurante il fatto che lavori indipendenti portino a risultati ben sovrapponibili. Le razze considerate possono essere sette (come in Lewontin), tre (come nel lavoro di Nei) o cinque (come nel nostro), i geni dieci, cento o quasi quattrocento, ma alla fine salta fuori che ogni nostra popolazione contiene circa l'85% della diversità totale. La frazione di diversità genetica umana associata alle razze è in ogni caso piccola.

Ma cosa vogliono dire questi numeri, in pratica? Il modo più semplice per riassumerli è dire che, se dovesse estinguersi tutta l'umanità eccetto una sola popolazione, diciamo gli abitanti di Forlì o di una cittadina nigeriana, si perderebbe in tutto il 15% della diversità genetica umana, mentre l'85% resterebbe in circolazione. Non è un buon motivo per prendere alla leggera il rischio di un'estinzione quasi totale della nostra specie; inoltre, come vedremo fra poco, a Forlì resterebbe in realtà un po' meno dell'85% della diversità umana globale e in Nigeria un po' di più. Ma in sostanza quel numero, quell'85%, ci dice che pochi dei nostri alleli sono presenti in un solo continente, mentre la loro grande maggioranza sta un po' dappertutto, al punto che ogni nostra popolazione contiene un campionario molto vasto della variabilità genetica dell'intera specie. È come se i ristoranti della nostra città offrissero l'85% dei piatti che potremmo ordinare in tutti i ristoranti del mondo.

Un altro modo di raccontare questa storia è dire che, se poniamo pari a 100 la differenza genetica fra uno di noi italiani e

la persona che gli assomiglia di meno al mondo, un eschimese o un maasai o un maori (fate

voi), la differenza fra noi e il nostro vicino di casa (sempre che non sia nostra sorella, nel qual caso è ovvio che le cose cambiano) non sarebbe 20 o 30, come molti pensano, ma 85. E la differenza fra uno di noi italiani e un altro europeo sarebbe 90, cioè 85 più quel 5% rappresentato dalle differenze fra popolazioni. Dunque, la gente che viene da regioni diverse è, in media, un po' più distante da noi geneticamente di quanto lo siano i membri della nostra comunità, ma solo un po': cinque per cento in più se viene dal nostro continente, quindici per cento in più se viene da un altro continente. Se confrontiamo quest'ultimo valore, 15%, con quelli misurati in altri mammiferi, troviamo che differenze altrettanto piccole si osservano solo nel bufalo africano e nel waterbuck, un'antilope africana. Se passiamo a specie distribuite su territori più vasti, come il coyote americano, lo gnu, la gazzella di Grant e l'elefante africano, troviamo differenze fra popolazioni molto più grandi, che arrivano a superare l'80% per il lupo grigio. Discriminare il discriminabile

Fra le tante obiezioni avanzate a proposito dello studio di Lewontin, e di quelli che l'hanno in seguito confermato, una merita attenzione. Va bene, abbiamo dimostrato che fra le razze o fra i continenti esistono piccole differenze genetiche. Ma queste differenze non sono pari a zero, e perciò potrebbero avere un significato. Se sapessimo che in un certa roulette l'85% dei lanci è casuale, ma nel 15% dei casi esce sicuramente il rosso, punteremmo tutti sul rosso. Dunque, quel 15% di varianza fra razze e popolazioni può essere molto importante e non è detto, anche se è un numero piccolo, che non permetta di discriminare fra i membri di razze diverse. Se quel 15% volesse dire che siamo tutti più o meno uguali per molti geni, ma tutti gli africani sono di gruppo sanguigno A, tutti gli europei di gruppo B e tutti gli

asiatici di gruppo 0, sarebbe un 15% molto importante perché ci consentirebbe di definire perfettamente tre razze.

È una buona osservazione: sia perché è sensata, sia perché può essere verificata sperimentalmente. Immaginiamo di avere a disposizione i dati su tanti geni in tanti individui. Se non conosciamo il continente d'origine di questi individui e cercassimo di scoprirlo sulla base del DNA, quante volte ci prenderemmo? Se questo ragionamento ha un suono vagamente familiare, è perché l'abbiamo fatto a proposito delle lumache dei Pirenei. Un esperto riesce a piazzare ciascuna di loro nella valle da cui proviene, conoscendo gli alleli nel DNA di quella lumaca, perché in ogni valle c'è una razza differente di lumaca. Se si riuscisse a fare lo stesso con il DNA umano, ecco che l'idea di razza umana ne uscirebbe confermata.

Nel 2002 abbiamo raccolto, in collaborazione con colleghi di università inglesi, tedesche e statunitensi, un archivio di dati relativi a 4000 individui di 32 popolazioni. In questi individui abbiamo studiato 21 regioni del DNA che si chiamano inserzioni Alu (non preoccupiamoci troppo di cosa siano e cosa facciano), più altre 14 regioni di DNA che sono particolari perché stanno sul cromosoma Y e perciò sono trasmesse dai padri ai loro figli maschi. Un'altra brava statistica, Chiara Romualdi, che all'epoca preparava con me la sua tesi di dottorato e adesso fa la ricercatrice a Padova, ha messo a punto i metodi per vedere con quanta fedeltà potessimo individuare l'origine di un individuo in base al suo genoma, metodi che si chiamano di analisi discriminante. In pratica, si prendono, uno alla volta, gli individui, ci si dimentica temporaneamente la loro provenienza, e si cerca di assegnarli al continente più probabile, confrontando il loro DNA con quello di tutti gli altri individui (del cui continente d'origine non ci siamo invece dimenticati). Alla fine si conta quanti individui sono finiti nel continente giusto e quanti no. Ci sono tanti modi per farlo, tanti metodi statistici diversi che, in linea di principio, possono essere validi. Chiara Romualdi

ha trovato risultati piuttosto altalenanti, a seconda dei dati usati e dei dettagli numerici del metodo: in certi casi il 73% di individui viene attribuito al vero continente di origine, ma un metodo di analisi discriminante che a priori non sembrava peggio degli altri colloca al posto giusto solo il 17% degli individui. In molti casi il cromosoma Y permette una maggiore precisione, il che non deve sorprendere: nella nostra specie quasi tutte le società sono patrilocali, e cioè al matrimonio è generalmente la donna che va a vivere nel luogo di origine del marito. Questo significa che il DNA del cromosoma Y tende a viaggiare meno di quanto non facciano altri tratti di DNA, trasmessi sia dal padre sia dalla madre. Restando più ancorato alle località di origine, il DNA del cromosoma Y è anche quello che mostra le più grandi differenze fra continenti.

Comunque, coi metodi migliori, circa il 70% di noi finisce nel continente giusto e il 30% nel continente sbagliato, il che conferma quanto dicevamo dall'inizio: ci sono differenze genetiche fra africani, europei, asiatici, eccetera, ma queste differenze non sono nette e perciò non c'è una corrispondenza esatta fra geni e continente d'origine. È interessante vedere che tipo di errori vengono commessi, in quali casi il DNA di uno di noi suggerisce un continente d'origine sbagliato. Per farlo, si costruisce una tabella nella quale si confrontano i continenti veri di origine e i continenti ai quali sono stati assegnati i diversi individui. Se si studiano le inserzioni Alu, la tabella mostra che molti africani, più di metà, finiscono in Europa, e quasi tutti gli amerindi in Asia. Dunque, per quanto riguarda le inserzioni Alu, sembrerebbe che ci siano in realtà tre gruppi umani principali: africani ed europei insieme, asiatici e americani insieme, e gli oceanici diversi da entrambi.

Benissimo. Ma appena si va a controllare la tabella relativa al cromosoma Y cambia tutto. Col cromosoma Y, gli africani stanno per conto loro; gli europei, che avevano inserzioni Alu tutte loro, se ne stanno per metà in Africa e per metà in Asia, dove si

trovano assieme a parecchi americani e a tutti gli oceanici. Un cromosoma Y europeo od oceanico non emerge, mentre gli indigeni americani, che per le inserzioni Alu sembravano essere semplicemente degli asiatici e neanche tanto speciali, hanno il loro bel cromosoma Y, distinto da tutti gli altri. E allora?

È, anzi, sembra, un bel pasticcio. In questi casi, per capirci qualcosa, si cercano altri dati, si studiano altri geni, su campioni più grandi, e si rifà la stessa domanda. Quali sono i principali gruppi umani, se chiediamo al computer di classificarci secondo il nostro DNA? La risposta l'hanno cercata in molti, e l'hanno trovata tutti, solo che ciascuna di queste risposte è diversa dalle altre. Come abbiamo appena visto, nel nostro lavoro emergevano tre gruppi se si considerano le inserzioni Alu, e ancora tre gruppi, ma diversi, se si considera il cromosoma Y. Il gruppo di David Goldstein, un genetista californiano che all'epoca stava a Londra, ha studiato il cromosoma X, quello che le donne hanno in due copie e gli uomini in una, e ha identificato quattro gruppi umani principali: gli asiatici, gli africani del sud, gli africani dell'est assieme agli europei, e gli abitanti della Nuova Guinea. Noah Rosenberg, di cui si è parlato poco fa, ha studiato tantissimi geni, 377, e ha trovato sei gruppi: Africa, Europa assieme all'Asia occidentale; Asia dell'est; Oceania; America; e, a sorpresa, i kalash del Pakistan, che per quei 377 geni

fanno fare gruppo a sé, diversi geneticamente da tutti gli altri. Questi due lavori si basano su una tecnica statistica un po' diversa dalle precedenti, che ha un problema: bisogna decidere in anticipo quanti gruppi (quante razze) ci siano. Poi il computer forma quel numero di gruppi, mettendo insieme gli individui geneticamente più simili, e alla fine si controlla se i risultati vengono meglio con due, tre, quattro gruppi, eccetera. A dirla così sembra facile, ma ognuna di queste analisi richiede un sacco di lavoro. Noah Rosenberg si è fermato a sei gruppi. David Serre e Svante Paabo, che lavorano a Lipsia, rifanno l'analisi e trovano che in realtà i risultati sono un po' più precisi se si cerca di

suddividere l'umanità in sette gruppi, e ancora un po' più precisi se i gruppi diventano otto, nove e così via. A un certo punto anche Serre e Paabo devono fermarsi, ma visto che ogni volta che si aggiunge un gruppo le cose funzionano meglio concludono che probabilmente la suddivisione migliore è quella in cui ogni individuo forma un gruppo per conto suo, cioè ogni individuo è una razza distinta. Ma allora, chi ha torto e chi ha ragione? Studiare il DNA doveva permetterci di aggirare un sacco di ambiguità che sono inevitabili quando si studiano i caratteri anatomici, eppure ci ritroviamo a non sapere se ci sono tre, sei, o, come pensano Serre e Paabo, addirittura infiniti gruppi umani, il che poi è equivalente a dire che non ce n'è nessuno. Se ci sono gruppi umani distinti, se c'è una qualche ragione genetica per parlare di razze, a un certo punto dovrà essere possibile dire almeno quanti siano. Dove abbiamo sbagliato, e chi è stato a sbagliarsi? A pensarci bene, ci troviamo di fronte a una situazione molto simile, anzi identica, a quella in cui si trovavano gli studiosi ottocenteschi. Sulla base di alcune caratteristiche, colore della pelle, o forma del cranio, o tipo di capelli, riuscivano a raggruppare gli individui in maniera abbastanza ragionevole, solo che questi gruppi si sfaldavano e ne saltavano fuori altri se si considerava qualche altro carattere. Allo stesso modo, qui il cromosoma Y ci suggerisce certi raggruppamenti, che non sono quelli suggeriti dalle inserzioni Alu, che non sono quelli suggeriti dal cromosoma X, che non sono quelli

Più si studiano nuovi geni, più si fa esile la speranza di trovare chiari confini fra gruppi umani a cui possiamo dare il nome di razze. Il solo elemento comune a tutti questi studi è che ciascuno dà risultati incoerenti con quelli di tutti gli altri. L'unico modo in cui si può trovare un senso in questi risultati è ammettere che non c'è stato nessun pasticcio, nessun errore di fondo. Le contraddizioni non sono dovute al fatto che uno scienziato ha fatto le scelte giuste (i geni giusti, le popolazioni giuste) e gli altri no. Tutti hanno fatto scelte più o meno ragionevoli, ma queste

contraddizioni sono una caratteristica fondamentale della diversità genetica umana, e ci dicono che nei nostri geni non ci sono barriere chiare e quindi nemmeno razze distinte. I nostri geni non sono disposti in pacchetti ben differenziati e facilmente etichettabili. Non abbiamo di qua gli africani con i loro gruppi sanguigni tipici, i loro cromosomi X e Y tipici, le loro inserzioni Alu; poi gli europei coi loro gruppi sanguigni e X e Y e le loro Alu; diversi da quelli africani; e poi gli asiatici e così via. Come le caratteristiche morfologiche, anche quelle genetiche sono distribuite in maniera discordante. Questi studi, le contraddizioni fra questi studi, ci dicono che i diversi geni sono distribuiti diversamente sul nostro pianeta, e le loro distribuzioni non sono correlate fra loro. Due popolazioni o due individui possono essere simili per i geni A, B e C, ma questo non garantisce che lo siano anche per i geni D, E ed F. In conclusione, non solo le differenze fra i principali gruppi umani sono piccole, e rappresentano meno del 10% di tutta la nostra variabilità; ma non sono nemmeno disposte in modo da permetterci di discriminare fra gruppi diversi. Così come è stato impossibile mettersi d'accordo sulle razze umane studiando la forma del nostro corpo, non ci si riesce neanche studiando i nostri geni. Se, come scriveva Mayr, la presenza di confini è il criterio determinante per giudicare se una specie contenga o no razze distinte, i confini non li ha ancora trovati nessuno. Al momento non si conosce né una lista né una mappa delle razze su cui siano d'accordo anche solo gli scienziati che alle razze ci credono. La genetica progredisce rapidamente e fra qualche anno ne sapremo di più. Al momento, non si vede su quali basi si possa razionalmente sostenere che la specie umana è suddivisa in razze biologiche distinte.

Note

Per chi fosse interessato a dare la caccia al cavallo immateriale invisibile e a imbarcarsi in altre stimolanti imprese al confine (stavo per scrivere a cavallo) fra evoluzione e filosofia consiglio il sito di Massimo Pigliucci <http://www.rationallyspeaking.org/>, scorrendo il quale si possono trascorrere parecchie ore liete. In questo capitolo ho fatto riferimento a vari studi di varianze genetiche e di struttura di popolazioni. Li elenco in ordine di apparizione: R.C. Lewontin (1972), The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology* 6: 381-398;

B. D.H. Latter (1980), Genetic differences within and between populations of the major human subgroups. *American Naturalist* 116: 220-237; N. Ryman, R. Chakraborty and M. Nei (1983), Differences in the relative distribution of human gene diversity between electrophoretic and red and white cell antigen loci. *Human Heredity* 33: 93-102;

G. Barbujani, A. Magagni, E. Minch, L.L. Cavalli-Sforza (1997), An apportionment of human DNA diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94: 4516-4519;

L.B. Jorde, W.S. Watkins, M.J. Bamshad, M.E. Dixon, C.E. Ricker, M.T. Seielstad and M.A. Batzer (2000), The distribution of human genetic diversity: A comparison of mitochondrial, autosomal and Y-chromosome data. *American Journal of Human Genetics* 66: 979-988;

N.A. Rosenberg J.K. Pritchard J.L. Weber, H.M. Cann, K.K. Kidd, L.A. Zhivotovsky and M.W. Feldman (2002), Genetic structure of human populations. *Science* (2002), 298: 2381-2385;

C. Romualdi, D. Balding, I.S. Nasidze, G. Risch, M. Robichaux, S.T. Sherry, M. Stoneking, M.A. Batzer and G. Barbujani (2002), Patterns of human diversity, within and among continents, inferred from biallelic DNA polymorphisms. *Genome Research* 12: 602-612;

J.F. Wilson, M.E. Weale, A.C. Smith, F. Gratrix, B. Fletcher, M.G. Thomas, N. Bradman and D.B. Goldstein (2001), Population genetic structure of variable drug response. *Nature Genetics*. 29: 265-269.

Un riassunto di questi e altri lavori sullo stesso tema è in G. Barbujani (2006), Human races: Classifying people vs. understanding diversity. *Current Genomics* 5: 215-226. Il confronto fra

la variabilità dell'uomo e quella di altri mammiferi è riportata in A. Templeton (1999), Human races: A genetic and evolutionary perspective. *American Anthropologist*, 100: 632-650.

7. Modelli

Dove si parla di tre teorie sull'evoluzione dell'umanità

Fin qui si è parlato di geografia: di come le differenze genetiche non permettano di tracciare fra le popolazioni della terra i confini stabili che autorizzerebbero a parlare di razze. Queste differenze si sono accumulate nel corso dei millenni e vogliamo capire come, ma la storia è più difficile della geografia, almeno in questo campo. Come ha fatto l'umanità ad arrivare a essere come è, attraverso quali passaggi evolutivi? Per rispondere, non basta guardare la mappa dei nostri geni; ci servono delle teorie.

Contrariamente a quanto alcuni credono, infatti, i dati da soli non parlano. Se metto in fila su di un foglio i volumi cranici dei fossili umani conosciuti, ho una sfilza di numeri che non mi dicono niente. Comincio a capirci qualcosa solo quando formulo l'ipotesi che, col tempo, il volume cranico sia aumentato. Ma non è proprio vero che tutti i crani di un certo periodo sono più grandi di quelli precedenti e più piccoli di quelli successivi. Ho bisogno di un'ipotesi più articolata, che per esempio separi i crani in base alla forma e dia loro dei nomi, almeno nomi provvisori. Se i nomi non sono arbitrari, se mi permetteranno di separare linee evolutive diverse, allora riuscirò a riconoscere in qualcuna di queste linee una tendenza all'aumento del volume. Ma anche così ci saranno eccezioni, che mi costringeranno a sviluppare un'ipotesi ancora più precisa e complessa.

La scienza procede così. Il ruolo della teoria è quello di fornire un insieme di concetti all'interno dei quali i dati diventano interpretabili. Oggi gli scienziati hanno a disposizione migliaia e forse milioni di misure scheletriche, di elettroforesi di proteine, di sequenze di DNA, di profili di espressione di geni, nella nostra specie e nei suoi parenti più prossimi, le grandi scimmie. Ma per capire che cosa significa tutto questo ben di dio c'è bisogno di una chiave interpretativa, cioè di una teoria o modello attraverso cui leggerlo e interpretarlo. Perciò la parola teoria ha significati differenti nel linguaggio corrente e nella scienza. Di solito intendiamo per teoria un insieme di idee non ben verificate. "In teoria potresti farcela" significa che in pratica difficilmente ce la farai; se dichiaro che ho delle teorie su come si guida la macchina mi toglierete subito il volante. In campo scientifico, invece, una teoria consiste in un insieme di generalizzazioni che sintetizzano e rendono interpretabili i dati sperimentali: la teoria della gravitazione, la teoria atomica, la teoria della deriva dei continenti. La biologia evoluzionistica ha definito i meccanismi attraverso cui le popolazioni si differenziano; i dati che si stanno accumulando, sugli individui contemporanei e sui fossili di quelli che li hanno preceduti, reclamano di essere collocati nel loro contesto evolutivo. Parleremo di tre modelli (schematizzati in figura 5), cioè tre teorie che intendono spiegare le tendenze evolutive documentate dai fossili e, più di recente, dal DNA. Ciascun modello comporta una diversa idea su come siano comparsi i primi umani anatomicamente moderni e sulle differenze biologiche fra le popolazioni attuali. Figura 5. Rappresentazione schematica dei principali modelli di evoluzione umana. Il passato è in basso, il presente è in alto; le linee spesse rappresentano la continuità genealogica, le linee sottili diagonali scambi migrazionali fra le popolazioni dei diversi continenti. La popolazione delle Americhe è considerata, in tutti e tre i modelli, come una componente di quella asiatica. Un quadrato scuro indica la popolazione neandertaliana, che in due

modelli, ma non in quello dell'origine africana recente, è ancestrale alla popolazione europea moderna. Le cinque sottospecie di Carleton Coon

In questa storia, Carleton Coon meriterebbe un capitolo a parte. Facciamo un passo indietro. Come abbiamo visto, a metà del novecento la classificazione razziale stava diventando tecnicamente ingestibile. L'approccio tipologico aveva già mostrato tutta la sua debolezza, le razze si

erano moltiplicate, nessuno sapeva più dire con esattezza quante e quali fossero perché i loro confini erano sempre più ingarbugliati. Ormai c'era chi diceva chiaramente che, per studiare l'uomo, il concetto di razza non è né fondato né utile, e trovava ottimi argomenti nella biologia evoluzionistica. Nel frattempo, nei laboratori di biochimica e di genetica si stavano mettendo a punto le tecniche che nei decenni successivi avrebbero permesso di descrivere (e comprendere) in maniera molto più approfondita la diversità umana.

Si era alla vigilia di un cambiamento profondo. In momenti del genere, capita che qualcuno non sia d'accordo e alzi la voce: o per cercare con uno sforzo titanico di arrestare la storia, o per cantare la fine del tempo che fu. Coon è decisamente più un titano che un cantore nostalgico. Il suo *The origin of races* del 1963 si colloca nel solco degli studi razziali precedenti, rispetto a cui (ecco la novità) propone un modello evoluzionistico, cioè non solo elenca le sue razze, ma cerca di spiegare come si siano differenziate. L'apparente complessità della specie, scrive Coon, è in larga parte frutto delle migrazioni recenti, come quelle che hanno portato gli europei a diffondersi nelle Americhe o in Oceania e le popolazioni locali a contrarsi o estinguersi. Eliminando gli effetti di queste migrazioni, cioè risalendo in pratica al 1492, il quadro complessivo diventa più semplice, anzi, semplicissimo. Ci sono state essenzialmente due fasi dell'evoluzione umana. Nella prima ci siamo staccati dalle grandi scimmie, imparando a camminare eretti e sviluppando un

cervello più grande e quindi più capace di ragionamento e astrazione. Questa fase corrisponde all'avvento dell'Homo erectus, che Coon colloca fra un milione e mezzo milione di anni fa. Oggi sappiamo che sottostimava le date, ma poco importa: fin qui tutto bene. In seguito, come abbiamo visto, compare Homo sapiens, ma già prima di questa seconda fase, scrive Coon, l'umanità è profondamente differenziata al suo interno. Quando ancora eravamo allo stadio di erectus, c'erano, ci dice Coon, cinque razze, anzi cinque sottospecie umane: caucasioide (cioè europea), mongoloide (cioè asiatica), capoide, congoide e australoide. Sono tuttora perfettamente riconoscibili anche se si sono spostate, in parte, dai territori distinti in cui si sono evolute, perché ciascuna sottospecie differisce dalle altre "in misura considerevole per alcune caratteristiche misurabili".

Attenzione: le caratteristiche da usare per questi confronti vanno scelte bene perché alcune di loro possono risentire di un adattamento all'ambiente, e cioè dell'effetto della selezione naturale. Per esempio, popolazioni molto distanti fra loro, in ambienti ugualmente freddi, possono sviluppare adattamenti quali una minor superficie corporea, che riduca la dispersione del calore. Se si considera la riduzione della superficie corporea, gli eschimesi dell'Alaska, i lapponi e i pigmei si assomigliano, ma questa somiglianza non dimostra che le tre popolazioni abbiano antenati comuni e perciò possano essere visti come un'unica razza. Coon è consapevole di questo problema, ma secondo lui l'architettura dei denti, la forma delle ossa nasali e il maggior o minor rilievo della faccia si sarebbero conservati attraverso il tempo, a prescindere dai cambiamenti climatici e ambientali: perciò non rappresenterebbero se non in minima parte un adattamento all'ambiente, ma testimonierebbero invece della comune origine di coloro che li portano. Studiando le stesse caratteristiche anche nei fossili si possono collegare individui del passato e del presente in un'unica catena evolutiva. Rispetto a parecchi autori precedenti, qui si ha la sensazione di tornare coi

pie di per terra. C'è una proposta metodologica ispirata a criteri ragionevoli: cercare le origini dell'umanità nel suo passato, attraverso un'analisi dei resti fossili degli ominidi. C'è un tentativo di usare criteri il più possibile quantitativi per lo studio della diversità umana. E c'è un rifiuto ad avventurarsi sul terreno dell'intelligenza razziale, terreno che Coon considera "non molto utile" perché non permette un confronto col passato: l'intelligenza dei morti, scrive, è impossibile da determinare (purtroppo, Coon enuncia ma non si attiene per molto a questo saggio proposito). La medaglia ha però un suo rovescio, ed è presto detto. Secondo Coon gli appartenenti alle diverse sottospecie di sapiens deriverebbero da popolazioni distinte di Homo erectus che vivevano, rispettivamente, in Europa, Asia, Africa (capoidi e congoidi) e Australia. In sostanza, ciascuna sottospecie si sarebbe evoluta indipendentemente dalle altre, diventando Homo sapiens in momenti diversi. In questo modo, nel ridurre il numero delle razze, Coon si riallaccia all'idea del poligenismo, idea che era stata abbandonata, come abbiamo visto, per diversi ottimi motivi. La sua teoria nasce vecchia; è obsoleta oggi, ma lo era anche al momento in cui è stata formulata. Ma vediamola più in dettaglio. In Africa Coon colloca due sottospecie, capoidi e congoidi: intuizione non disprezzabile, visto che gli studi recenti hanno dimostrato grandi differenze fra popolazioni africane, spesso maggiori di quelle che si osservano fra popolazioni di continenti diversi. La parola capoidi deriva dal Capo di Buona Speranza, e la sottospecie comprende quelli che in precedenza abbiamo chiamato khoisan: i gruppi di cacciatori e raccoglitori dell'Africa del sudovest di lingua san e khoikhoi, boscimani e ottentotti. In comune, questi gruppi hanno caratteri fisici che li rendono difficilmente classificabili come negroidi: la pelle è più chiara, gli occhi sono stretti, le labbra non sono grosse;

spesso hanno dimensioni corporee ridotte, secondo Coon prodotto di fenomeni recenti, successivi al loro arrivo nel cono

sud del continente. I khoisan sono stati tradizionalmente classificati fra i negroidi, e perciò Coon battezza l'altra sottospecie africana, quella di pelle scura, con il nome di congoide. Fra loro comprende i pigmei, che altri autori (per esempio Weinert e Biasutti) consideravano una razza a parte. Caucasoidi, mongoloidi e australoidi ricalcano più o meno designazioni tradizionali, anche se Coon vede gli Ainu del nord del Giappone come parte della sottospecie caucasoide, attribuisce ai mongoloidi molte popolazioni dell'Oceania oltre a tutte quelle delle Americhe, e agli australoidi le popolazioni di pelle scura dell'India, della Melanesia e dell'Asia del sud, dimenticandosi che la pigmentazione della pelle è appunto una risposta, un adattamento, all'elevata irradiazione solare. Intelletto multiforme e sulfureo, Coon, che nel corso della carriera ha pubblicato anche romanzi di spionaggio, come si vede scavalca e ignora gli argomenti di Livingstone e Ashley Montagu contro la visione tipologica, decide che la genetica non gli interessa ("per rintracciare le linee di discendenza dell'uomo fossile, nessuna di queste caratteristiche è utile") e si ricollega al pensiero poligenista. E qui sorgono i primi gravi problemi. Infatti, non solo oggi, ma per tutto il novecento e buona parte dell'ottocento ci si è trovati d'accordo almeno su una cosa, e cioè che le razze sono una suddivisione interna alle specie: prima la specie si separa dalle altre specie, poi, al suo interno, prologo a un nuovo processo di speciazione, prendono forma le razze. Coon invece, scandalizzando evoluzionisti come Dobzhansky, propone che le differenze fra le razze fossero già presenti ai tempi di *Homo erectus* e si siano trasferite, ampliandosi, in *Homo sapiens*. In pratica, l'uomo moderno sarebbe emerso cinque volte, in posti diversi e soprattutto in momenti diversi. Gli australoidi, secondo Coon i più primitivi, discenderebbero direttamente da *Pitecanthropus*, e i mongoloidi da *Sinanthropus*, l'uomo di Pechino (entrambe le forme sono oggi catalogate come *Homo erectus*; pitecantropo, o uomo-scimmia, è il nome con cui

all'epoca si designava la forma fossile umana identificata sulla base di undici scheletri incompleti provenienti da Ngandong, sull'isola di Giava). All'origine dei caucasoidi ci sarebbe la mescolanza fra i neandertaliani e "un ceppo più moderno" identificabile nell'uomo di Cro-Magnon. Gli antenati di congoidi e capoidi, infine, non sono ben definiti, anche se per i secondi Coon propende, con molti dubbi, per una relazione evolutiva con una popolazione fossile del Marocco, che dunque deve aver viaggiato parecchio per lasciare discendenti nell'Africa del sud-ovest e solo lì. Nel corso del processo evolutivo, "ciascuna sottospecie, nel suo territorio, ha superato una soglia critica da una condizione più brutale a una condizione più sapiente".

Coon sostiene che il passaggio di questa soglia è avvenuto non solo in cinque posti diversi, ma anche in momenti diversi. Di conseguenza, alcune sottospecie (la mongoloide e la caucasoidi) avrebbero trascorso più tempo nella condizione "sapiente", mentre altre (le due sottospecie nere e soprattutto l'australoidi), attardatesi nella condizione "brutale", avrebbero un ritardo evolutivo che Coon quantifica in 160.000 anni: le due sottospecie africane avrebbero raggiunto lo stadio sapiens non più di 40.000 anni fa, caucasoidi e mongoloidi 200.000 anni fa. Dunque, l'evoluzione ha raggiunto, nelle diverse razze, stadi diversi. Ne discende una precisa gerarchia di valore, con europei e asiatici al vertice. La razza, scrive Coon in un articolo del 1950, è un insieme di individui di entrambi i sessi, chiaramente localizzati in una regione, che abitualmente si incrociano fra loro, e che dimostrano una continuità nel riprodurre, attraverso il tempo, un certo tipo morfologico; questi individui non solo hanno lo stesso aspetto, ma si comportano allo stesso modo. Come si vede, Coon non resiste alla tentazione di lasciar perdere argomenti opinabili, e finisce per collegare aspetto fisico e caratteristiche psicologiche. Anzi: in due foto giustapposte del suo libro, mette a confronto quelli che lui definisce "l'alfa e l'omega di Homo sapiens": Topsy, un'aborigena australiana il cui volume cranico è

inferiore a 1000 cc, e il dottor Li, archeologo e direttore dell'Accademia Sinica, con un cervello, secondo la didascalia, quasi due volte più grande. Dunque, in un colpo solo, Coon propone una teoria in conflitto con tutte le teorie più recenti, in cui i concetti di base dell'evoluzione vengono piegati a interpretazioni che nessun evoluzionista potrebbe accettare, e che porta conforto all'idea che nell'umanità ci siano, e siano scientificamente riconoscibili, gruppi congenitamente inferiori. Non c'è da sorprendersi che una proposta di questo tipo si sia trovata ben presto al centro di un dibattito che va ben al di là della biologia.

Negli anni sessanta nasce negli Stati Uniti un forte movimento per la desegregazione razziale, che suscita dure e spesso violente opposizioni, specie negli Stati del sud. Teorici dell'apartheid come George Wesley e Carlton Putnam accolgono con riconoscenza il testo di Coon, e se ne servono per sostenere che ai neri americani, meno evoluti, non possono essere attribuiti gli stessi diritti dei bianchi. David Duke, che dopo essere andato in giro per un po' in uniforme nazista con tanto di svastica cercherà di modernizzare il Ku Klux Klan negli anni '70, attribuisce alle teorie di Coon il proprio risveglio: è grazie a loro che ha capito che esistono legittime basi scientifiche per la discriminazione razziale. Ecco un esempio della prosa di Duke, nella quale la parola genotipo, che vuol dire il complesso dei geni, viene usata a casaccio per stigmatizzare i comportamenti attribuiti alla comunità afro-americana: "Separati dall'influenza e dalla cultura bianca, [i neri] sono rapidamente tornati al loro genotipo, sempre più caratteristico delle società nere di tutto il mondo. I maschi esibiscono un'esagerata aggressività sessuale e promiscuità, che ha portato alla dissoluzione della famiglia nera in America". Ma si può essere apprezzati dai razzisti e avere, in termini strettamente scientifici, ragione. Invece Coon aveva torto. Oggi sappiamo che le prime forme umane anatomicamente moderne si trovano in Africa, e da lì si sono

diffuse negli altri continenti. Se proprio vogliamo considerare l'anzianità di servizio nella specie *Homo sapiens* come una misura del grado di evoluzione, allora sono gli africani a vantare qualche titolo in più degli altri. Ma il ragionamento è comunque sbagliato. All'interno di una specie tutti hanno origine da un gruppo di antenati comuni vissuti in un certo momento (e questo nessuno lo discute), quindi lo stesso intervallo di tempo separa tutti dagli antenati comuni e nessuno è più evoluto degli altri. Qualcuno potrà avere sviluppato caratteristiche più vantaggiose in un certo ambiente, ma questo è

un altro discorso. Inoltre, Coon propone che l'umanità si sia evoluta attraverso un fenomeno che non ha confronto in nessuna altra specie della biosfera. Né nella zoologia né nella botanica esistono esempi di una stessa specie che si forma a più riprese in momenti diversi; diversi eventi indipendenti di speciazione, come quelli ipotizzati da Coon, non possono che portare a specie diverse. Oggi lo sappiamo con certezza, ma anche cinquantanni fa la biologia evoluzionistica era abbastanza sviluppata da permettere, a chi lo avesse voluto, di evitare questo errore. Coon non vuole evitarlo. Propone un modello che non funziona, né funziona il castello di teorie che su questa idea si basa. Semplicemente, il poligenismo, a metà del XX secolo, non è più difendibile. Se collocati in un contesto sballato, neanche i dati raccolti più scrupolosamente (e quelli di Coon erano stati raccolti bene) funzionano. Per capire la diversità umana bisogna capire come si è evoluta a partire da un unico evento di speciazione. Da quel momento, le diverse popolazioni umane hanno avuto lo stesso tempo per evolversi. Certe hanno raggiunto, in media, stature alte, altre stature mediamente basse. Individui più piccoli hanno anche crani più piccoli e questo fenomeno si chiama allometria. Misurare i crani non serve a niente se non si divide il volume cranico per il volume corporeo: solo allora si avrà un'idea di quanto è il volume relativo del cervello, relativo alla massa corporea che il cervello deve governare. Altrimenti si conclude

(c'è chi lo ha fatto, per secoli) che le donne hanno meno cervello degli uomini, gli indigeni americani hanno meno cervello di tutti, e gli europei... indovinate?

Oggi, almeno fra gli scienziati, le teorie di Coon sono definitivamente tramontate. L'idea che la stessa specie possa essere emersa indipendentemente in posti e luoghi diversi non ha trovato alcuna conferma sperimentale, e anche dal punto di vista teorico presenta difficoltà insormontabili. Inoltre, è stato calcolato che, separandosi un milione di anni fa ed evolvendosi in modo indipendente, le diverse popolazioni umane odierne dovrebbe essere non razze, ma specie diverse: il che, come abbiamo visto nel capitolo sulle teorie poligeniste, non è vero. Ma è innegabile che, ampiamente rivedute e corrette, le idee di Coon abbiano lasciato una traccia. Coon sbaglia nell'interpretare i dati, ma le sue descrizioni delle forme umane arcaiche dell'Africa, dell'Europa e dell'Asia orientale sono spesso corrette, e queste forme sono diverse fra loro e hanno qualche cosa in comune con le forme moderne delle stesse regioni. Da questa osservazione nasceranno altre teorie, che animeranno il dibattito antropologico alla fine del XX secolo. L'evoluzione multiregionale

Il problema insormontabile del modello di Coon sta nell'immaginarsi cinque episodi indipendenti e paralleli di speciazione: una cosa mai vista al mondo. Un'alternativa consiste nell'ipotizzare che di speciazioni non ce ne sia stata neanche una. Se sia le forme umane anatomicamente arcaiche (che oggi classifichiamo come *Homo habilis*, *erectus*, *ergaster*, *heidelbergensis* e *neanderthalensis*, e Coon raggruppava sotto l'unica denominazione di *erectus*) sia quelle anatomicamente moderne sono in realtà un'unica specie, vista in momenti diversi, ma che si è evoluta senza scosse, molto gradualmente, senza veri episodi di speciazione, le differenze fra le popolazioni attuali possono essere molto antiche: così antiche da risalire a centinaia di migliaia di anni fa. In questo senso, l'idea di Coon che ci sia

una continuità genealogica fra umani arcaici e umani moderni nei cinque continenti resta alla base di un modello successivo, quello di evoluzione multiregionale.

L'antropologo che ha legato indissolubilmente il suo nome alla teoria multiregionale si chiama Milford Wolpoff. È un uomo intelligente, spiritoso e con una forte vena istrionica. Suona il clarinetto e l'ho visto esibirsi in un karaoke antropologico: gli avevano preparato, senza farglielo vedere prima, trenta diapositive (alcune delle quali imbarazzanti) e man mano che venivano proiettate lui le collegava improvvisando una plausibile conferenza scientifica. Molti ricorderanno una famosa frase di George Bush padre: "Read my lips, no more taxes", leggetemi le labbra, basta con le tasse. Al congresso antropologico del 2002, a Kansas City, Wolpoff ha organizzato un simposio che si chiamava "Read my lips, no more taxa", basta coi gruppi tassonomici: è esistita un'unica specie umana, che comprende tutte le forme umane che abbiamo chiamato con nomi diversi da Homo erectus in poi, sostiene Wolpoff. Questa specie si è espansa dall'Africa molto tempo fa, forse un milione di anni fa, e si è differenziata in gruppi regionali. Questi gruppi hanno molto in comune con le popolazioni moderne che vivono nelle stesse regioni e dunque sono i loro antenati: è per questo che la teoria di Wolpoff si chiama teoria dell'evoluzione multiregionale. Dalle popolazioni neandertaliane dell'Europa e dell'Asia occidentale discendono gli europei; dalle popolazioni di erectus asiatico (dal cosiddetto uomo di Pechino) discendono gli asiatici e da loro gli americani, e da quelle del sud-est Asia (dal cosiddetto uomo di Giava) gli australiani; mentre gli africani discenderebbero dalle forme africane arcaiche che in questo libro, seguendo l'ipotesi prevalente, abbiamo chiamato Homo ergaster, ma che Wolpoff preferisce incorporare nella specie erectus. Nel corso del tempo, queste forme non hanno dato origine a specie distinte perché, nonostante le grandi distanze geografiche, sono sempre rimaste in contatto, incrociandosi fra loro abbastanza per scambiarsi

geni, e quindi mantenendo l'unità della specie. Dunque, come nel modello di Coon, le differenze fra le principali popolazioni umane si sarebbero accumulate nel corso di un lungo periodo di tempo, un milione di anni o più. "Origini multiregionali", precisa Wolpoff, non vuol dire però "origini multiple", come sosteneva Coon. Il modello multiregionale prevede che l'umanità sia emersa nel corso di un unico processo che ha riguardato la specie in blocco, nel corso del quale le varie popolazioni si sono separate, isolate, si sono scambiati individui attraverso la migrazione, e a volte si sono fuse. Come conseguenze di tutti questi fenomeni ci sarebbero state una differenziazione continentale e un'evoluzione parallela ma non (e qui Wolpoff si stacca da Coon) indipendente nelle diverse regioni.

Il dato principale a sostegno di questa teoria sta nei cosiddetti caratteri a continuità regionale, cioè nelle somiglianze che Wolpoff riscontra fra scheletri arcaici e moderni in varie aree della terra. In particolare, i denti incisivi superiori a spatola, frequenti oggi nelle popolazioni asiatiche, erano presenti in tutti i campioni noti di *erectus* asiatico, diverse centinaia di migliaia di anni fa. Secondo Wolpoff e i sostenitori dell'evoluzione multiregionale, la continuità regionale di questi caratteri, cioè la loro presenza in una certa regione attraverso centinaia di migliaia di anni, prova che gli antichi abitanti, le due forme di *erectus* in Asia e Australia, i Neandertal in Europa, sono gli antenati diretti degli abitanti attuali. Nelle versioni più recenti della sua teoria, Wolpoff ammette che ci possa essere stata una migrazione più recente dall'Africa verso tutti i continenti, ma questa migrazione avrebbe integrato, non rimpiazzato, le popolazioni arcaiche preesistenti. Dunque, i nomi che sono stati proposti per le varie forme umane sono arbitrari: in realtà abbiamo avuto un'unica specie umana, che si è differenziata in popolazioni regionali a partire più o meno da un milione di anni fa. Fuori dall'Africa

Al modello multiregionale si contrappone un modello che ne differisce in un aspetto fondamentale. Anche secondo questo modello le forme umane arcaiche si sarebbero evolute in Africa e da lì si sarebbero spostate in Asia e in Europa a partire da oltre un milione di anni fa. La novità consiste nel fatto che un secondo gruppo africano, rappresentato dalla forma che abbiamo chiamato ergaster, avrebbe dato origine in Africa, non più di centomila anni fa, a una popolazione con caratteristiche anatomiche moderne, e questa popolazione si sarebbe espansa, colonizzando rapidamente tutto il pianeta. Gli umani anatomicamente moderni sarebbero arrivati in Asia forse 60 mila anni fa, in Europa intorno a 40 mila anni fa, sostituendosi alle popolazioni precedenti. È davvero difficile stabilire come questa sostituzione sia avvenuta, se ci sia stata una competizione diretta fra gruppi umani arcaici e moderni, o se piuttosto i moderni si siano semplicemente spostati in territori che i gruppi arcaici stavano abbandonando in preda a una crisi demografica che aveva altre cause. Fatto sta che, se è vera la teoria dell'origine africana recente, sostenuta con forza soprattutto da antropologi inglesi come Chris Stringer, Ian Tattersall e Rob Foley, o che lavorano in Inghilterra come Marta Mirazón-Lahr, meno di centomila anni fa gli antenati di tutti noi, lapponi e maya, tibetani e maori, vivevano non nel continente dove stiamo adesso, ma tutti in Africa. A sostegno di questo modello che è stato chiamato Out-of-Africa, fuori dall'Africa (è una citazione di Karen Blixen) o modello dell'origine africana recente, sta un dato difficile da spiegare altrimenti. Non esistono fuori dall'Africa popolazioni fossili con caratteristiche intermedie. In tutti i continenti, i resti fossili documentano la presenza di forme arcaiche oppure moderne (a volte addirittura in ordine inverso, cioè con certi siti archeologici occupati prima da umani anatomicamente moderni, e in seguito da umani arcaici), ma mai la coesistenza, nella stessa popolazione, di caratteristiche intermedie, che potrebbero far pensare alla formazione di ibridi.

Nella serie di dati fossili di ogni continente a un certo punto compaiono individui il cui scheletro è già simile al nostro, e non molto tempo dopo smettono di esserci gli individui il cui scheletro, e soprattutto il cui cranio, ha un aspetto più arcaico. Questo dato non fa pensare a un'evoluzione sul posto, quanto a un processo di immigrazione e sostituzione.

Il modello di origine africana recente modifica drasticamente lo status dell'uomo di Neandertal. Nel modello multiregionale, i Neandertal vissuti in Europa e nel Medioriente per quasi 300 mila anni sono gli antenati diretti dei Cro-Magnon, da cui discenderanno gli europei moderni. Nelle versioni più recenti del modello multiregionale si ammette la possibilità che le comunità neandertaliane abbiano incorporato anche immigranti africani di aspetto moderno, ma il fenomeno non avrebbe alterato la fondamentale continuità genealogica fra europei arcaici (cioè neandertaliani) ed europei attuali. Invece, se l'umanità ha avuto un'origine africana recente, i Neandertal si sono estinti: stavano dove stiamo noi, hanno avuto contatti con i nostri antenati cro-magnoidi di origine africana, ma non ci hanno trasmesso i loro geni e così noi europei contemporanei facciamo parte di un'altra genealogia. Allo stesso modo cambia anche lo status di tutte le altre popolazioni fuori dall'Africa. Per esempio, nel modello multiregionale la popolazione del sudest asiatico e dell'Australia sarebbe stata fondata almeno 750 mila anni fa e i suoi discendenti sarebbero ancora fra noi dopo migliaia di generazioni; la teoria dell'origine africana recente riduce a meno di un decimo, una sessantina di migliaia di anni, la sua età, e ne colloca l'origine in Africa. Chi ha ragione?

Il confronto fra modello multiregionale e modello di origine africana recente ha dominato il dibattito paleoantropologico negli ultimi quindici anni. Dato per assodato che siamo tutti africani nel senso che in Africa stavano i nostri remoti antenati australopiteci, lo siamo anche nel senso che è là che vanno cercati i nostri antenati recenti, mentre le forme umane

eurasiatiche di 100 mila anni fa si sono tutte estinte? La genetica ha molto da dirci a questo proposito, e di questo parleremo nel prossimo capitolo. Per ora, ragioneremo su due analisi di dati fossili che mi sembrano particolarmente significativi, fra le tante presentate e discusse. Una si riferisce alle ossa rinvenute in quattro siti vicini:

Tabun, Kebara, Skhul e Qafzeh, in Israele. Dai primi due scavi sono emersi scheletri e crani con caratteristiche neandertaliane, da Skhul e Qafzeh altri con caratteristiche più gracili e moderne, avvicinabili all'uomo di Cro-Magnon. A lungo, prima che fossero disponibili moderni sistemi di datazione basati sul decadimento radioattivo, si era pensato che queste ossa documentassero il progressivo passaggio da caratteristiche neandertaliane a caratteristiche moderne, all'interno di una singola popolazione che si evolve. Quando però si è potuto dar loro un'età precisa, i risultati sono stati sorprendenti. Gli scheletri neandertaliani appartenevano a individui vissuti fra 40 mila e 60 mila anni fa, mentre quelli con caratteristiche moderne risalgono a 90 o 100 mila anni fa. Il modello multiregionale individua nei Neandertal gli antenati dei moderni, ma se i presunti antenati sono arrivati 30 mila anni dopo i loro presunti discendenti il discorso non sta più in piedi. Studi molto dettagliati delle mandibole di Skhul e Qafzeh indicano piuttosto una relazione con le forme africane di ergaster, il che è esattamente quello che la teoria dell'origine africana recente prevede. Per quanto molto più vecchi, gli abitanti di Skhul e Qafzeh disponevano di mani più moderne dei loro futuri dirimpettai neandertaliani di Tabun e Kebara. C'è motivo di credere che questo adattamento anatomico permettesse loro di utilizzare strumenti più sofisticati dei neandertaliani, e in generale che i primi stadi dell'origine degli umani moderni abbiano portato con sé un miglioramento nelle capacità manuali.

A proposito delle popolazioni di Skhul e Qafzeh, una questione ancora aperta è il lungo intervallo di tempo intercorso

fra la loro comparsa, la prima presenza documentata di gente con uno scheletro come il nostro fuori dall'Africa, e la colonizzazione dell'Europa e dell'Asia da parte di umani anatomicamente moderni, avvenuta decine di migliaia di anni dopo. Cos'è successo nel frattempo? Forse i neandertaliani di Tabun e Kebara hanno occupato quel territorio perché le popolazioni di Skhul e Qafzeh non ce l'avevano fatta: erano arrivate nel Medioriente ma non erano riuscite a spingersi oltre, né a mantenere quei loro territori. Forse i primi abitanti moderni d'Europa, i cro-magnoidi i cui scheletri sono così simili a quelli ritrovati a Skhul e Qafzeh, non erano i loro discendenti, ma altri africani: dei loro cugini che, molti millenni dopo, hanno ritentato e hanno avuto più fortuna.

Questi e altri dati analoghi relativi all'Asia costituiscono un problema difficilmente sormontabile per la teoria multiregionale. Ma un'altra difficoltà viene dagli studi in cui si è riconsiderato il caposaldo della teoria, e cioè l'idea della persistenza in certe aree, per lunghissimi periodi, di particolari caratteristiche morfologiche, i cosiddetti caratteri a continuità regionale. Nel 1994 Marta Mirazón-Lahr ha riesaminato una vasta collezione di crani antichi, e moderni, provenienti dall'Asia orientale e del sudest, cioè dalle aree da cui secondo il modello multiregionale avrebbero avuto origine, rispettivamente, le popolazioni moderne di Asia e Australia. Il confronto fra le popolazioni arcaiche e quelle moderne è risultato molto istruttivo. Esattamente per metà dei caratteri considerati le popolazioni antiche assomigliano di più a quelle moderne della stessa zona, e per metà a quelle moderne dell'altra zona. Insomma, l'*erectus* cinese assomiglia tanto ai cinesi moderni quanto agli australiani moderni, e la cosiddetta continuità regionale non regge alla prova statistica.

Nello stesso anno Diane Waddle ha raccolto un vasto archivio comprendente 165 misure scheletriche in reperti di età diverse, da 650 mila a 8 mila anni fa, provenienti da quattro regioni:

l'Africa, l'Europa dell'est, l'Europa dell'ovest e l'Asia. L'idea era quella di provare varie combinazioni di rapporti genealogici, e di vedere quale spiegasse meglio le somiglianze e le differenze fra i reperti. Per esempio, la Waddle cominciava considerando ogni popolazione antica come ancestrale rispetto a quelle più recenti della stessa regione, secondo quanto prevede il modello multiregionale, e calcolava la probabilità che le misure scheletriche fossero come erano se l'ipotesi è vera. Poi passava all'ipotesi dell'origine africana recente, considerando che le quattro popolazioni moderne fossero tutte derivate da quella africana di 100 mila anni fa, e calcolava un'altra probabilità. La Waddle ha valutato anche la bontà di altri modelli, alcuni diversi solo per sfumature, altri no, come per esempio una comune origine delle popolazioni recenti da antenati asiatici. Alla fine ha confrontato i risultati, dimostrando che la probabilità più alta si osserva nelle analisi in cui si considerano come ancestrali alle popolazioni moderne le popolazioni arcaiche dell'Africa o del Medioriente. I risultati del modello multiregionale sono stati molto peggiori, tanto che la Waddle ha concluso che si può escluderlo con una minima probabilità di errore statistico.

I lavori di Marta Mirazòn-Lahr e di Diane Waddle sono importanti perché confrontano per la prima volta i reperti fossili non sulla base di un'idea soggettiva delle somiglianze e delle differenze anatomiche, ma attraverso analisi statistiche, quantitative, che non risentono della particolare sensibilità dei ricercatori che le applicano. All'epoca della loro uscita, qualcuno ha commentato che questi studi piantavano l'ultimo chiodo sulla bara della teoria multiregionale. In realtà, e lo vedremo nel prossimo capitolo, un chiodo ancora più definitivo è stato piantato dal confronto dei DNA estratti da campioni neandertaliani e di cro-magnoidi. Ma prima di passare al DNA, vale la pena di ricordare che già disponiamo di un altro elemento per scegliere quale sia il modello più realistico, cioè più aderente ai dati. Nel proporre una separazione antica fra le popolazioni

umane, il modello multiregionale implicitamente prevede grandi differenze genetiche, e poca variabilità al loro interno. Se le popolazioni di Africa, Asia, Europa e Oceania si sono evolute separatamente per centinaia di migliaia di anni, nel corso di questo lungo, lasso di tempo ciascuna avrà accumulato un suo particolare insieme di mutazioni, che si saranno diffuse solo in piccola parte agli altri continenti. Al contrario, il modello dell'origine africana recente porta a prevedere che le popolazioni continentali sono molto variabili al loro interno e poco differenziate fra loro. E anche questo è un dato difficile o impossibile da giustificare se si pensa che l'umanità si sia evoluta secondo quanto propone il modello multiregionale.

La teoria di Coon non ha più alcun sostenitore, almeno fra gli scienziati; la teoria multiregionale ha molti problemi. Il dibattito scientifico più interessante riguarda piuttosto alcuni aspetti non chiariti della teoria out-of-Africa. Possiamo dire che i nostri antenati africani hanno rimpiazzato completamente gli umani più arcaici, Neandertal in Europa ed erectus in Asia, o magari qualcuno di questi ultimi è stato incorporato nelle popolazioni moderne ed è riuscito a trasmettere i suoi geni fino a noi? Se è così, sono stati pochi o pochissimi? Quanta gente anatomicamente moderna è uscita dall'Africa, e quando esattamente? Sono stati un piccolo gruppo che miracolosamente ha evitato l'estinzione, o tanti piccoli gruppi in ondate diverse, o addirittura si è trattato della migrazione di tanta gente? E se l'uomo anatomicamente moderno è uscito dall'Africa in più riprese, ha seguito sempre la strada della Palestina e del Medioriente, o magari è anche riuscito a passare direttamente dal corno d'Africa all'Arabia e da lì all'India, come alcune osservazioni fanno pensare? Su queste questioni si concentrano oggi gli sforzi dei ricercatori. Milford Wolpoff è combattivo come sempre e non molla, ma ci sono ormai moltissimi dati empirici a sostegno del modello di origine africana. Fra questi dati, e li

vedremo ben presto, sono molto importanti quelli che ci vengono dallo studio del nostro genoma.

Note

The origin of races, di Carleton Coon, è stato pubblicato nel 1963 da Alfred A. Knopf, New York. L'affermazione secondo cui razze diverse avrebbero non solo aspetto differente, ma

comportamenti differenti, sta in C.S. Coon, S.M. Garn e J.B. Birdsell, A study of the problems of race formation in Man (Charles T. Hombas 1950). Ho imparato molto sulle reazioni al lavoro di Coon e al suo utilizzo per giustificare politiche di discriminazione razziale leggendo di John P. Jackson Jr. (2001), In ways unacademical: The reception of Carleton S. Coon's "The

Origin of Races", Journal of the History of Biology 34: 247-285. David Duke racconta dell'importanza delle teorie di Coon nella sua formazione in My awakening: A path to racial understanding (Free Speech Press 1998); la frase sul ritorno dei neri al loro genotipo e sulle conseguenze sessuali è a pagina 159. Il suo sito web è www.davidduke.com, ma allora vale

la pena di leggere anche cosa dicono gli altri di lui, per esempio al sito della Anti Defamation League: http://www.adl.org/special_reports/duke_orders/duke_intro.asp. Da molti anni Milford Wolpoff è il principale sostenitore dell'ipotesi multiregionale. Due articoli, uno classico e uno recente, che riassumono le sue tesi sono A.G. Thorne e M.H. Wolpoff

(1992), The multiregional evolution of humans. Scientific American 266: 76-79, 82-83, e M.H. Wolpoff, J. Hawks e R. Caspari (2000), Multiregional, not multiple, origins. American Journal of Physical Anthropology 112: 129-136. Allo stesso modo, per quanto riguarda l'out-of-Africa, suggerisco I. Tattersall (1997), Out of Africa again... and again? Scientific

American 216: 60-67 e C. Stringer (2002), Modern human origins: Progress and prospects. Philosophical Transactions of the Royal Society, London B 357: 563-579. Chris Stringer ha

anche scritto, con Robin McKie, un bel libro, African Exodus (Jonathan Cape 1996), che purtroppo nessuno ha ancora tradotto in italiano. La datazione dei reperti di Skhul e Qafzeh è in H. Valladas, G. Valladas, O. Bar-Yosef, B. Vandermeersch (1991), Thermoluminescence dating of Neanderthal and early modern humans in the Near East. Endeavour 15: 115-119. Ulteriori studi che dimostrano come fossero profonde le differenze anatomiche e anche comportamentali fra umani anatomicamente moderni

di 100 mila anni fa e neandertaliani sono Y. Rak, A. Ginzburg, E. Geffen (2002), Does Homo neanderthalensis play a role in modern human ancestry? The mandibular evidence.

American Journal of Physical Anthropology 119:199-204, e in W.A. Niewoehne (2001), Behavioral inferences from the Skhul/Qafzeh early modern human hand remains. Proceedings of

the National Academy of Sciences USA 98: 2979-2784. Marta Mirazón-Lahr ha pubblicato nel 1994 il suo articolo intitolato The multiregional model of modern human origins: A

reassessment of its morphological basis sul Journal of Human Evolution 26: 23-56. Il lavoro di Diane Waddell, Matrix correlation tests support single origin for modern humans, è comparso sempre nel 1994 su Nature 368: 452-454.

8. Cos'altro ci dicono i geni

Dove ci si convince che l'Africa
non è un continente come tutti gli altri

Anche per i sostenitori (sempre meno) del modello multiregionale l'Africa ha un ruolo speciale nell'evoluzione umana, perché è là che troviamo i resti fossili più antichi di creature imparentate con noi. Ma secondo il modello multiregionale ogni continente dovrebbe aver dato un contributo simile alla formazione del nostro pool genico, cioè del complesso di geni dell'umanità. Dunque l'Africa era speciale un milione di anni fa, ma poi è stato un continente come tutti gli altri. Al contrario, se è vero il modello di origine africana recente, nel nostro pool genico deve essere evidente un contributo maggiore dell'Africa rispetto agli altri continenti.

Ormai si possono confrontare queste previsioni teoriche con una grande mole di dati. La prospettiva di comprendere le cause genetiche delle malattie e, in futuro, di meglio diagnosticarle, curarle e, speriamo, prevenirle ha messo in moto enormi risorse finanziarie ed energie intellettuali. Da questi studi però sono venuti anche risultati importanti per capire la diversità umana e il ruolo dell'Africa nella sua evoluzione. Per spiegarci meglio dovremo però aprire qui una parentesi e dilungarci in qualche dettaglio tecnico.

Coraggio.

Le malattie genetiche semplici più note sono l'anemia mediterranea o talassemia, l'emofilia, il daltonismo, le distrofie muscolari e la fibrosi cistica. Le chiamiamo semplici perché sono provocate dall'alterazione di un singolo gene. Spesso, come per la distrofia muscolare di Duchenne, l'alterazione genetica determina inevitabilmente la malattia e così si può dire che la causa della malattia è solo genetica. Ma in altri casi anche le condizioni ambientali possono pesare. La fenilchetonuria è dovuta all'accumulo eccessivo di uno dei componenti delle proteine, l'amminoacido fenilalanina. Negli individui che hanno ereditato sia dal padre sia dalla madre una mutazione a un gene chiamato PAH, questo amminoacido non viene eliminato quando la proteina, terminata la sua funzione, viene degradata. Così la fenilalanina raggiunge elevate concentrazioni nei tessuti e li danneggia, soprattutto quelli nervosi, causando una forma di ritardo mentale. Se però si diagnostica precocemente la malattia, e si modifica in tempo la dieta in modo da ridurre il contenuto di fenilalanina, i bambini portatori degli alleli difettosi potranno condurre una vita normale.

Di fenilchetonuria e delle altre malattie genetiche semplici si ammalano poche persone. Dal punto di vista sanitario preoccupano di più il cancro, le malattie cardiocircolatorie, il diabete, l'asma e le molte malattie degenerative fra cui le demenze senili. Le chiamiamo patologie complesse perché non hanno una causa sola, ma tante, e anche se non dipendono esclusivamente dai geni hanno però una componente genetica, che determina per ciascuno di noi un maggiore o minor rischio, cioè una maggiore o minore tendenza ad ammalarsi. E per questo che i dottori, se ci trovano la pressione alta, ci chiedono com'era la pressione dei nostri genitori.

E complesso è anche il modo in cui ciascuno di noi risponde al trattamento farmacologico. Gli effetti dei farmaci variano da

persona a persona. Una certa dose di una certa medicina fa bene ad alcuni, è come acqua fresca per altri, su altri ancora può avere effetti secondari fastidiosi o pericolosi. Anche queste differenze hanno una base genetica. La nostra capacità di metabolizzare i farmaci, cioè di eliminarli dal nostro organismo una volta che hanno svolto la loro funzione, dipende dall'azione di alcuni nostri geni: ne conosciamo qualche decina e hanno nomi ostici come NAT2, TPMT e CYP2D6 . Le dosi consigliate dei farmaci sono quelle che, in media, sortiscono l'effetto voluto sui pazienti. Ma non siamo tutti "pazienti medi", qualunque cosa voglia dire questa espressione. Alcuni di noi hanno alleli che li portano a eliminare certi farmaci più rapidamente, e perciò hanno bisogno di dosi maggiori o addirittura di farmaci diversi; altri hanno invece alleli che determinano un metabolismo più lento e rischiano, alle dosi consigliate, di intossicarsi. Comprendere meglio questi fenomeni significherebbe poter scegliere la terapia e il dosaggio giusti, senza passare attraverso la fase, costosa e penosa per il malato, in cui si procede per tentativi sperando che il farmaco funzioni. Ci vorrà ancora tempo, ma fra qualche anno il medico di base potrà stabilire con un test, con un'analisi del sangue, in che modo ciascuno di noi reagisce a diverse classi di farmaci, e così potrà scegliere una terapia individuale, modellata specificamente sulle nostre esigenze. Blocchi di geni associati

Ricercatori di diversi paesi coordinati da David Altshuler di Harvard e Aravinda Chakravarti della Johns Hopkins di Baltimora hanno unito le loro forze in un progetto chiamato HapMap, il cui scopo è identificare le basi genetiche di molte malattie. È stata una decisione importante perché, come si diceva in precedenza, una sola sequenza completa del genoma umano non ci dice niente sulla nostra diversità, e quindi non solo sulle razze ma anche sulle differenze genetiche fra chi sviluppa certe malattie e chi non le sviluppa, o fra chi risponde bene e chi risponde male a un certo farmaco. Nel progetto HapMap ci si propone appunto di capire queste differenze e perciò si

confrontano le sequenze di vasti tratti di DNA in diversi individui.

Uno dei primi risultati del progetto HapMap è stata la lettura della sequenza di 13 milioni di basi nei cromosomi di individui sani provenienti dall'Asia, dall'Africa e dall'Europa. Tredici milioni di basi sono meno di un centesimo della sequenza completa del DNA umano, ma sono comunque un numero enorme, che può darci un'idea precisa di come variano non il singolo gene (su questo avevamo già le idee abbastanza chiare), ma tanti geni insieme. Il lavoro del gruppo HapMap ha portato alla scoperta che il nostro genoma è costituito da blocchi di geni associati, cioè da gruppi di alleli che vengono trasmessi come un tutto unico dai genitori ai figli. I geni, come abbiamo visto, stanno in fila sui cromosomi. Sul cromosoma 1 ce ne sono oltre 3000, fra cui geni importanti nell'origine di patologie come il glaucoma, il morbo di Alzheimer e il cancro alla prostata; sul cromosoma 7 abbiamo circa 1800 geni fra cui quello che può determinare la fibrosi cistica, un gene che contribuisce all'obesità e uno che contribuisce al diabete; e così via. Quando un genitore ci trasmette un cromosoma (per esempio, quando nostra madre ci trasmette il cromosoma 1 che a sua volta aveva ereditato da suo padre o da sua madre) riceviamo in eredità tutti gli alleli che stanno su quel cromosoma.

In realtà, raramente un cromosoma dei nostri nonni arriva a noi intatto. Nella formazione delle cellule che daranno vita a un nuovo organismo, cioè degli spermatozoi e delle cellule-uovo, le coppie di cromosomi omologhi si scambiano dei pezzi. Il termine tecnico è ricombinazione; la sua conseguenza è che due mutazioni capitate entrambe sullo stesso cromosoma a un certo punto possono separarsi finendo su cromosomi omologhi diversi. Oppure, al contrario, mutazioni portate separatamente dai nostri due genitori possono finire insieme sul cromosoma che trasmettiamo a nostro figlio. Se a ogni generazione i cromosomi omologhi si scambiano pezzi di DNA attraverso la

ricombinazione, il cromosoma 1 di cui si parlava poco sopra è spesso un ibrido fra il cromosoma del nonno e quello della nonna, e lo stesso vale per tutti gli altri cromosomi.

Fino a qualche anno fa si pensava che la ricombinazione potesse avvenire in qualunque punto del cromosoma. I risultati dello studio di HapMap indicano che invece non è così: lunghi tratti di DNA, decine di migliaia di basi, contenenti una certa combinazione di alleli, vengono trasmessi insieme, senza che mai ricombinazione li separi, come se fossero, in pratica, un'unica entità: un blocco, appunto. Dunque la ricombinazione, a quanto pare, caratterizza posizioni fisse dei cromosomi, i punti di contatto fra blocchi, mentre all'interno dei blocchi è molto rara. La scoperta ha applicazioni importantissime, perché, una volta individuato un blocco, si può prevedere che alleli contenga leggendo la sequenza di un suo piccolo segmento, senza dover sequenziare migliaia di basi.

I ricercatori di HapMap hanno anche descritto come si distribuiscono questi blocchi nelle tre popolazioni di cui disponevano. Più di metà sono cosmopoliti, cioè si trovano nei cromosomi di individui di tutti i continenti; un quarto dei blocchi sono esclusivamente africani, mentre sono molto pochi, circa il 2 per cento, quelli trovati solo in Europa o solo in Asia. Insomma, è molto raro che qualche caratteristica sia tipicamente europea o tipicamente asiatica: i nostri cromosomi possono essere inconfondibilmente africani, o altrimenti sono genericamente umani, con poche eccezioni. L'analisi pubblicata dal gruppo HapMap si basa su qualche decina di individui. Studi su scala più vasta sono in corso, ma per i risultati ci vorrà del tempo. Per ora si può dire che, sia che ci concentriamo sui singoli geni, sia che consideriamo blocchi di geni associati, ci troviamo di fronte alla stessa situazione: i vari continenti sono poco differenziati, mentre dentro a ogni popolazione, e massimamente in Africa, troviamo una fetta molto ampia della diversità genetica mondiale. Tanta variabilità genetica in Africa

Che l'Africa sia, dal punto di vista genetico, un continente speciale lo hanno dimostrato anche parecchi studi svolti con metodiche più tradizionali, a partire dagli anni ottanta, quando ancora si lavorava sulle proteine e non direttamente sul DNA. Masatoshi Nei e Greg Livshits sono stati i primi, a quanto ne so, a trovare differenze modeste fra Asia ed Europa, rispetto a quelle osservate fra popolazioni eurasiatiche e africane.

Con metodi più sofisticati, per quanto riguarda sia le tecniche di laboratorio sia l'analisi statistica dei dati, nel 2001 Santos Alonso e John Armour hanno dimostrato che la variabilità di un lungo tratto del cromosoma 16 è molto maggiore in Africa che negli altri continenti, e che gli alleli presenti in Europa e Asia possono essere visti come un sottoinsieme di quelli africani. Risultati analoghi sono stati ottenuti da molti altri ricercatori. Uno dei lavori più semplici ed eleganti mi sembra quello del gruppo di Sarah Tishkoff, che ha caratterizzato un tratto di DNA intorno al gene della distrofia miotonica. Di questo DNA la Tishkoff ha trovato otto varianti differenti, tutte e otto presenti nell'Africa del sud e del centro. Man mano che ci si spinge verso nord alcune varianti si perdono, tanto che in Etiopia, delle otto, ne restano solo tre. In Europa e nel Medioriente anche una di queste tre varianti è poco frequente, e spostandosi verso est in Asia si fa sempre più rara finché nelle Americhe scompare, e nell'America del sud ne scompare un'altra, cosicché tutte le popolazioni indigene del Sudamerica sono geneticamente identiche per quel gene. Riassumendo questi risultati in poche parole, possiamo dire che il numero di varianti presenti nelle diverse popolazioni umane è tanto minore quanto più ci si allontana dall'Africa. Attenzione: non tutti i geni hanno distribuzioni così chiare. Per esempio, la regione di

DNA intorno al gene per un'altra forma di distrofia muscolare, la distrofia di Duchenne, suggerisce che una parte della variabilità abbia avuto origine in Asia, e da lì ci sia stata una migrazione verso l'Africa. Queste discrepanze non devono

stupire. Stiamo cercando di ricostruire fenomeni che hanno interessato milioni di persone attraverso i millenni, e disponiamo solo di dati (non molti, non molto chiari) sulle popolazioni di oggi. Insomma, ci troviamo in condizioni solo un po' più confortevoli di quelle degli astrofisici, che cercano di capire qualcosa sull'origine dell'universo ragionando sulle tracce (non molte, non molto chiare) lasciate da fenomeni capitati miliardi di anni fa. I risultati di Sarah Tishkoff e di parecchi lavori condotti dai gruppi di Lynn Jorde, Henry Harpending, David Goldstein e, in Italia, Rosaria Scozzari e Antonio Torroni, sono interessanti non solo perché in generale confermano che in Africa c'è più diversità genetica che in qualunque altro continente, ma anche perché suggeriscono una possibile causa. Una progressiva perdita di variabilità genetica è infatti la conseguenza logica di un processo di colonizzazione di nuovi territori. Se un piccolo gruppo di individui si stacca da una popolazione più grande e si stabilisce altrove, una parte delle varianti geniche della popolazione di partenza andrà persa per effetto del caso. Per capirlo, pensate di pescare venti caramelle da un vaso che ne contiene mille di tanti gusti differenti. È facile prevedere che vi troverete in mano solo alcuni dei gusti disponibili nel vaso. Dunque, i risultati di Sarah Tishkoff fanno pensare che all'umanità sia successo qualcosa del genere: piccoli gruppi di individui si sono spinti sempre più lontano dalla zona di origine della specie, fondando nuove popolazioni. Ogni volta che lo facevano portavano con sé solo alcuni degli alleli presenti nella popolazione d'origine. Le popolazioni così fondate sono poi cresciute e sono diventate numerose. Ma siccome nei geni dei loro fondatori erano assenti molte varianti, queste varianti non si ritrovano neanche nei loro discendenti moderni. Se a questo punto vi viene in mente il modello out-of-Africa, è perché questi risultati, ricavati dallo studio del DNA e quindi indipendenti dallo studio delle ossa su cui l'out-of-Africa si basa, ci raccontano esattamente la stessa storia. In uno studio di 100 geni in un

campione molto vasto di popolazioni di tutto il mondo, il gruppo di Lynn Jorde e Mark Batzer ha confermato questo risultato e ha dimostrato che le differenze fra popolazioni africane sono grandi quanto quelle fra africani e non africani: un risultato che ancora una volta sottolinea il ruolo speciale avuto dall'Africa nella storia evolutiva dell'umanità. Anche le Americhe e l'Oceania sono speciali, ma in modo opposto. Interpretare i dati sulla variabilità genetica dei loro abitanti non è semplice, perché le popolazioni originarie sono state condotte al limite dell'estinzione dall'arrivo degli europei, e i pochi sopravvissuti si sono spesso mescolati con i coloni europei e, in America, con gli schiavi di origine africana. È però abbastanza evidente che le popolazioni indigene delle Americhe sono geneticamente vicine a quelle moderne dell'Asia del nord e quelle dell'Oceania a quelle del sudest asiatico. L'altro dato indiscutibile è che sia le popolazioni delle Americhe, sia, in misura minore, quelle dell'Oceania hanno una variabilità genetica ridotta, cioè posseggono un pool genico più ristretto delle popolazioni degli altri continenti. Il parallelo si ferma qui, perché le Americhe e l'Oceania, secondo i dati archeologici, sono state colonizzate in modo molto diverso. Tracce di presenza umana compaiono nel nord America almeno 15 mila anni fa e si diffondono rapidamente verso sud. La colonizzazione del Pacifico è cominciata molto prima, forse 30 mila anni fa, ma ha richiesto tempi molto più lunghi, tanto che la prima popolazione della Nuova Zelanda è documentata solo nell'ultimo millennio.

Vari gruppi fra cui quello di Luca Cavalli-Sforza e Alberto Piazza, di Robert Sokal a Stony Brook, Jaume Bertranpetit a Barcellona, Svante Paabo e Mark Stoneking a Lipsia, e il nostro, si dedicano da anni a ricostruire nel dettaglio la storia della nostra diversità genetica e la sua geografia, cioè le direttrici delle principali migrazioni umane. Si tratta di problemi molto complessi, per i quali bisogna collaborare con archeologi, antropologi, demografi e, se ci si riesce, anche linguisti. Geni diversi danno risultati a volte abbastanza diversi, com'era

prevedibile, ma non credo di semplificare troppo se dico che il quadro generale è piuttosto coerente. A un estremo abbiamo l'Africa, con la sua grande ricchezza di alleli diversi, all'altro Oceania e Americhe, dove di questa variabilità resta solo una parte. In mezzo, Europa e Asia, che mostrano caratteristiche intermedie. Man mano che ci si sposta da una popolazione all'altra, le caratteristiche genetiche variano in maniera continua, senza sbalzi, per migliaia di chilometri. Alcune popolazioni mostrano caratteristiche eccentriche per uno o più geni e spesso sono popolazioni isolate da barriere fisiche, come catene montuose o bracci di mare, oppure circondate da barriere linguistiche. Ma non si sfugge all'impressione che nel complesso la variabilità geografica dei nostri geni, la struttura genetica della popolazione umana, sia molto ordinata. La teoria ci insegna che fenomeni casuali o scambi irregolari di geni fra popolazioni diverse non mettono in fila i nostri geni: se li troviamo così ordinati, deve essere successo qualcos'altro, un complesso di fenomeni migratori che hanno strutturato la nostra diversità genetica nello spazio geografico.

Figura 6. Rappresentazione schematica dei principali processi di espansione umana, ricostruiti sulla base di evidenze fossili e genetiche. Le date, molto approssimative, sono in anni a partire dal presente. Da G. Barbujani e L. Excoffier (1999) *The history and geography of human genetic diversity*. In *Evolution in health and disease*, a cura di S.C. Steams, pagg. 27-40 (Oxford University Press).

Intendiamoci: nella storia umana è successo di tutto. Le popolazioni si sono espanse, mescolate ed estinte. In certe regioni geografiche (dove c'è la malaria o alle alte quote), o durante le epidemie, e in certe fasi di sviluppo tecnologico (per esempio quando nel neolitico abbiamo cominciato a produrre il cibo o quando il latte è diventato una componente essenziale

della dieta), la selezione naturale ha penalizzato gli alleli che funzionavano male, ed è difficile separare gli effetti della selezione da quelli della storia migrazionale. Ma proprio perché nella storia umana è successo di tutto, ci si aspetterebbe che alla fine ne risultasse una variabilità genetica caotica e poco interpretabile. Così non è, ed è proprio per questo che pensiamo che i movimenti migratori di cui troviamo traccia nel nostro DNA debbano essere stati importanti. Una sintesi, molto approssimativa, delle principali migrazioni dell'umanità è in figura 6: c'è ancora molto lavoro da fare, alcune o tutte le migrazioni che abbiamo ricostruito possono essere avvenute in più riprese, e sicuramente in modo meno lineare di quanto le frecce sulla mappa lascino intendere.

Alla fine della storia, però, qualcosa sappiamo dei movimenti migratori dei nostri lontani antenati. Venivano dall'Africa, non solo perché stavano tutti là un milione di anni fa (su questo sono d'accordo la teoria multiregionale e l'out-of-Africa), ma anche perché erano tutti là 100 mila anni fa, o addirittura meno: uno studio molto ben fatto del gruppo di François Balloux propone una data di 56 mila anni fa per l'uscita dall'Africa che ha portato alla colonizzazione dell'Eurasia. Nel corso della loro espansione dall'Africa i primi europei e asiatici moderni hanno perso parte del loro pool genico, e lo stesso è successo quando i loro discendenti si sono spinti oltre, costituendo nuove popolazioni nelle Americhe e in Oceania. Ci sono state molte altre migrazioni, sia su larga scala sia a breve distanza geografica, e c'è stato il loro contrario, fenomeni di isolamento riproduttivo in cui le popolazioni non hanno avuto scambi migratori per lunghi periodi. La grande variabilità genetica interna alle nostre popolazioni, e le moderate differenze fra popolazioni diverse dimostrano che, nella vicenda umana, lo scambio è stato la regola e l'isolamento l'eccezione. DNA antico

Lo sviluppo di tecniche per estrarre e analizzare frammenti di DNA da tessuto osseo, anche appartenente a individui morti

migliaia di anni fa, ha aperto possibilità di indagine prima inconcepibili. Le tecniche per studiare il DNA antico sono complesse, ed è ancora irrisolto il problema delle contaminazioni. Ogni reperto da cui si cerca di estrarre il DNA è stato manipolato dagli archeologi che l'hanno dissotterrato, dal personale dei musei in cui è stato esposto, e dai ricercatori che, per un motivo o per l'altro, l'hanno avuto per le mani. Ciascuno può aver lasciato un po' del proprio DNA, e perciò quando alla fine si ottiene una sequenza, bisogna chiedersi se appartenga davvero al reperto, e non invece a qualcuno che il reperto l'ha contaminato. Oggi tutti gli studi di DNA antico vengono condotti in parallelo in due laboratori, che confrontano i loro risultati solo alla fine, ma non è detto che basti, e il problema è particolarmente serio quando si lavora su ossa umane antiche. Infatti, se dall'osso di un mammut si ottengono sequenze di DNA tipicamente umane, non ci vuol molto a concludere che quelle sequenze non sono del mammut, ma di uno di noi. Ma quando si studiano campioni umani, campioni la cui sequenza non può essere troppo diversa da quella di chi avrebbe potuto contaminarla, tutto diventa più difficile. C'è una seconda limitazione. Abbiamo visto che ogni nostra cellula contiene due copie di ogni cromosoma. Nei campioni antichi, specie quelli che hanno qualche migliaio di anni, il DNA è deteriorato e frammentato, e ci sono elevate probabilità di non trovarne intatto neanche un po'. Per fortuna, ogni cellula contiene molte decine di copie di un piccolo pezzo di DNA che viene trasmesso solo per via materna, il DNA mitocondriale. Con i metodi disponibili oggi è su questo che si lavora, nella speranza, spesso fondata, che qualcuna di queste copie si sia conservata in buono stato.

Lo studio del DNA dell'uomo di Neandertal si è rivelato relativamente facile proprio perché le sequenze che ne sono state estratte sono molto diverse dalle nostre. Nel 1997 il laboratorio di Svante Paabo ha pubblicato la prima sequenza neandertaliana, e

da allora se ne sono accumulate una decina, ultima una dai Monti Lessini, sopra Verona, che si è rivelata molto particolare, a indicare che anche fra i neandertaliani c'erano forti differenze genetiche. Tanto per dare un'idea di quanto diversi erano da noi, negli studi di DNA antico si ottiene (quando va bene) la sequenza di un tratto di 360 basi del DNA mitocondriale. Se si prendono due europei moderni a caso e si confrontano fra loro questi tratti, troviamo in media 4 o 5 differenze sul totale delle 360 basi. La media delle differenze con i Neandertal è di 16 o 17, e tutte le loro sequenze contengono delle basi caratteristiche che non sono mai state trovate in nessuno degli oltre 5000 europei moderni di cui è noto il DNA mitocondriale. Il gruppo di Paabo ha calcolato che differenze di questo tipo si possono accumulare in circa 700 mila anni di evoluzione indipendente. Dunque i neandertaliani non solo non sembrano plausibili come nostri antenati, ma anzi si sarebbero separati dai nostri antenati un bel po' di tempo fa.

Come era avvenuto in precedenza, anche le sequenze del DNA mitocondriale neandertaliano sono state definite l'ultimo chiodo nella bara della teoria multiregionale, ma ancora un volta sono spuntate obiezioni. E vero, tutti i neandertaliani studiati hanno un DNA molto diverso dal nostro. Ma, in fondo, hanno 30 mila anni o più. Come si può escludere che in 30 mila anni il DNA si sia evoluto per gradi, fino ad arrivare a essere quello che è adesso?

Un modo per farlo c'è, in realtà, e consiste nell'andare a vedere com'è il DNA di qualcuno che è vissuto allo stesso tempo dei Neandertal, ma aveva uno scheletro come il nostro: i cro-magnoidi. E stato un lavoro difficile, ma alla fine ce l'abbiamo fatta. Oggi disponiamo delle sequenze di due cro-magnoidi provenienti da una grotta in Puglia, Paglicci. Queste sequenze sono molto vicine a quelle moderne, tanto che se le si mette insieme e si chiede a un computer di individuare quelle che non c'entrano, il computer non ce la fa. Dunque, 25 mila anni fa

viveva in Italia qualcuno il cui DNA era più o meno come quello degli europei di oggi, mentre i neandertaliani dell'epoca erano senza dubbio molto diversi. Ancora una volta, l'idea che gli europei discendano dai Neandertal si rivela incompatibile con l'evidenza sperimentale. Mathias Currat e Laurent Excoffier hanno simulato al calcolatore l'espansione delle popolazioni umane moderne in Europa, nel corso dei circa 12 mila anni nei quali possono aver avuto contatti con i Neandertal. Visto che negli europei moderni non è rimasta traccia di DNA neandertaliano, hanno stimato che eventuali neandertaliani assimilati non possono aver rappresentato più dello 0,1% delle popolazioni cro-magnoidi. Elise Belle, che nel mio laboratorio di Ferrara sta facendo calcoli simili, considerando però anche le sequenze dei cro-magnoidi, ha ottenuto un valore ancora più basso, 0,01%. Questi numeri significano che con tutta probabilità ai giorni nostri non è arrivato niente del patrimonio genetico neandertaliano.

Riassumendo

Riassumendo: in Africa c'è più diversità che in qualunque altro continente, e spesso le differenze genetiche fra popolazioni africane sono grandi quanto quelle fra popolazioni di continenti diversi. Le varianti geniche che troviamo in Europa e in Asia sono sottoinsiemi delle varianti africane, più qualche allele che con ogni probabilità è comparso in tempi relativamente recenti. Allo stesso modo, le varianti geniche che troviamo nelle Americhe e in Oceania sono poche e sono un sottoinsieme di quelle dell'Asia orientale. Tutti questi risultati fanno pensare che all'Africa spetti un ruolo speciale nell'evoluzione umana, quello di un serbatoio di variabilità genetica che la migrazione poi ha ridistribuito, in parte, negli altri continenti. Lo studio del DNA antico conferma che c'è una cesura fra umani anatomicamente arcaici (in Europa i

Neandertal) e quelli anatomicamente moderni (in Europa i cromagnoidi) e suggerisce che fra loro ci siano stati minimi scambi genetici, o più probabilmente nessuno. Stante la tendenza dei maschi della nostra specie a non andare troppo per il sottile, mi sembra difficile da escludere che sia mai avvenuto qualunque incrocio fra i due gruppi. Quello che però si può escludere è che questi incroci abbiano portato alla formazione di popolazioni ibride. Con tutta probabilità, europei e asiatici contemporanei discendono solo dalle popolazioni che, fra 100 e 50 mila anni fa, si sono spinte fuori dall'Africa, mentre quelli che c'erano prima si sono estinti. Per quanto riguarda la biodiversità umana nel suo complesso, l'assenza di razze si può spiegare proprio alla luce del fatto che siamo una specie giovane e mobile, mentre ci vogliono tempo e isolamento riproduttivo perché si formino gruppi geneticamente distinti.

Note

Si possono trovare molte informazioni sulla storia evolutiva delle popolazioni umane e sui loro geni, oltre a descrizioni plane e comprensibili dei metodi statistici attraverso cui si è arrivati a certe conclusioni, nel magnifico testo di Mark Jobling, Matt Hurles e Chris Tyler-Smith, *Human Evolutionary Genetics. Origins, People & Disease*, uscito nel 2004 da Garland Science.

Vivamente raccomandato a chiunque abbia voglia di approfondire i temi toccati in questo libro.

L'origine della farmacogenetica viene fatta risalire a un articolo di Arno Motulsky (1957). *Drug reactions, enzymes and biochemical genetics. Journal of the American Medical Association*

165: 835-837. Per chi volesse saperne di più, nel settembre 2004 è uscito un numero monografico di *Nature Reviews s Genetics* (vol. 5). Lo studio dei blocchi di HapMap è stato

pubblicato a nome di S.B. Gabriel e altri (2002), The structure of haplotype blocks in the human genome. Science 296: 2225-2229. Mappe

dei cromosomi con i principali geni associati alle malattie si trovano a questo sito: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/bv.fcgi?rid=gnd.chapter.272>.

I lavori che ho citato a proposito della diversità genetica africana sono: M. Nei e G. Livshits (1989), Genetic relationships of Europeans, Asians and

Africans and the origin of modern

Homo sapiens. Human Heredity 39: 276-281;

S. Alonso e J.A.L. Armour (2001), A highly variable segment of human subterminal 16p reveals a history of population growth for modern humans out of Africa. Proceedings of the

National Academy of Sciences USA 98: 864-869;

S.A. Tishkoff e altri (1998), A global haplotype analysis of the myotonic

dystrophy locus: implications for the evolution of modern humans and for the origin of myotonic dystrophy mutations. American Journal of Human Genetics 62: 1389-1402;

E. Zietkiewicz e altri (2003), Haplotypes in the dystrophin segment point to a mosaic origin of modern human diversity. American Journal of Human Genetics 73: 994-1015;

F. Cruciani e altri (2004), Phylogeographic analysis of haplogroup E3b (E-M215) Y chromosomes reveals multiple migratory events within and out of Africa. American Journal of Human Genetics 14: 1014-1022;

W.S. Watkins e altri (2003), Genetic variation among world populations: inferences from 100 Alu insertion polymorphisms. Genome Research 13: 1607-1618.

I motivi per concludere che gli europei moderni sono immigrati africani e in parte asiatici sono riassunti in G. Barbujani e D. Goldstein (2004), Africans and Asians abroad: Genetic diversity

in Europe. Annual Review of Genomics and Human Genetics 5: 119-150. La stessa rivista ha pubblicato di H. Harpending e A.R. Rogers (2000), Genetic perspectives on human origins

and differentiation. Annual Review of Genomics and Human Genetics 1 : 361-385. Sulla variabilità geografica della nostra specie, segnalo, oltre al già citato libro di Luca Cavalli-Sforza, Paolo Menozzi e Alberto Piazza History and Geography of the Human Genes (Princeton

University Press 1993), D. Serre e S. Paabo (2004), Evidence for gradients of human genetic diversity within and among continents. Genome Research 14: 1679-1685 e H. Liu e altri

(2006), A geographically explicit genetic model of worldwide human-settlement history. American Journal of Human Genetics 79: 230-237. Sul DNA antico conviene leggere quello che scrive la persona più competente in circolazione, Svante Paabo (con altri autori, 2004): Genetic analyses from ancient DNA. Annual Review of Genetics 38: 645-667, o se no, in italiano, di David Caramelli e Martina Lari, Il DNA antico (Pontecorboli 2004). Lo studio del DNA di Cro-Magnon è in D. Caramelli e altri (2003),

Evidence for a genetic discontinuity between Neandertals and 24,000-year-old anatomically modern Europeans. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 100: 6593-6597, mentre sul DNA dei Neandertal due buoni lavori recenti sono D. Serre e altri (2004), No evidence of Neandertal mtDNA contribution to early modern humans. PLoS Biology 2:313-317 e M. Currat e L. Excoffier (2004), Modern humans did not admix with Neanderthals during their range expansion into Europe. PLoS Biology 2: e421. La sequenza del primo

Neandertal italiano è in D. Caramelli e altri (2006), A highly divergent Neandertal mtDNA sequence in a Neandertal individual from Italy. Current Biology 16: R630-R632.

9. Faceva il palo

Dove si assiste a svariati tentativi di resuscitare le razze

Lui era fisso che scrutava nella notte,
l'ha vist nagott, ma in cumpens l'ha sentu nient,
perché vederci non vedeva un'autobotte,
però sentirci ghe sentiva un accident.

ENZO JANNACCI, Faceva il palo

Meriterebbe un posto di rilievo nella storia delle lettere patrie, Enzo Jannacci. Il suo eroe faceva il palo nella banda dell'Ortica, ma era sguercio, non ci vedeva quasi più. Così arrivano i metronotte, poi i carabinieri; pugni, spari, grida e botte; arrestano tutta la banda ma lui niente, neanche una piega, non se ne rende proprio conto. Cosa c'entra? C'entra. Negli anni novanta diversi autori ritornano a raccontare la storia dell'esistenza delle razze. Alcuni si fermano lì, altri fanno un altro passettino, sempre lo stesso: hanno scoperto, dicono, le cause biologiche della superiorità della razza bianca su tutte le altre. Nel corso di un trentennio la banda dell'Ortica è stata portata via: non dalle forze dell'ordine, ma dalla forza dell'evidenza scientifica. Le conoscenze genetiche sono aumentate immensamente e ci dicono che la diversità umana esiste, ed è grande, ma non va descritta in termini di razza, se no non la si capisce. I tentativi di classificazione razziale dell'umanità sono stati un fiasco, a meno che non salti fuori una grande mole di nuovi dati non ha senso riprovarci. Per capire la biodiversità, molto meglio concentrarsi sulle differenze fra popolazioni e fra individui. Niente da fare. Sguerci come il palo

dell'Ortica, altrettanto ignari dell'agitazione circostante, negli anni novanta diversi autori si rimettono a scrutare nella notte della classificazione razziale, e a riproporre idee arcaiche e scientificamente indifendibili come fossero novità fresche fresche. Lo fanno apposta? Bisognerebbe chiederlo a un sociologo o a uno psicologo. Non lo so. So però che, a furia di ripeterli, certi ritornelli entrano nelle orecchie e poco importa quanto siano fondati.

Una decina d'anni fa, questo libro sarebbe stato diverso. Si sarebbe potuto parlare serenamente del dibattito sulle razze umane come di una pagina di storia della scienza: interessante, conflittuale, con aspetti stimolanti e altri francamente bizzarri, ma una pagina comunque legata a un passato rispetto a cui si è andati avanti. E raccontando la storia dei tentativi di etichettare i nostri simili si sarebbe potuto ragionare serenamente sul perché siano falliti, imparando così anche qualcosa sul processo di prova ed errore che precede ogni conclusione scientifica degna di questo nome, e perciò in definitiva su come progrediscono le nostre conoscenze. Dieci anni fa questo libro si sarebbe potuto chiamare col titolo di una bella mostra organizzata da André Langaney, Ninian Hubert van Blijenburgh e Alicia Sancez-Mazas: *Tous parents tous différents*, tutti parenti tutti differenti. Sarebbe stato un bel titolo, anche se scopiazzato, e nessuno ci avrebbe trovato da ridire. O meglio, qualcuno ci avrebbe trovato da ridire, ma si sarebbe trattato di personaggi ai margini della comunità scientifica, come quel Philip Rushton che, dalla sua università del Western Ontario, da anni proclama che il quoziente d'intelligenza è inversamente correlato al tasso di criminalità e alla lunghezza del pene (questi ultimi massimi nei neri, minimi nei gialli) e denuncia quello che lui chiama il rifiuto dello studio scientifico della razza come un tabù che "non ha precedenti, né nell'inquisizione, né in Hitler, né in Stalin".

Invece il tema di questo libro è tornato a essere controverso. Negli anni novanta, quando ormai la scienza ha messo in chiaro

che ogni popolazione differisce un po' da tutte le altre, ma che nel genoma non si trovano linee di confine fra neri, bianchi e gialli, salta fuori qualcuno che dice: d'accordo, sarà anche così, ma questi discorsi sono così complicati! Mentre le razze sono così evidenti... Con un po' di maquillage editoriale, questo discorso disarmante diventa una ricetta di successo, perché negli Stati Uniti i libri che sostengono la superiorità dei bianchi vendono mica male. Così oggi il vento è cambiato. Oggi, come scrive Jonathan Marks, far accettare l'inesistenza delle razze è diventato tanto difficile quanto convincere i nostri antenati del seicento che la terra non se ne sta ferma al centro dell'universo. La curva a campana di Herrnstein e Murray Hanno cominciato Richard Herrnstein e Charles Murray. L'idea di partenza del loro best seller *The bell curve*, la curva a campana, è che negli Stati Uniti la scala sociale è fondamentalmente equa, cioè riflette il valore intrinseco delle persone: chi è più ricco lo è perché è meglio degli altri. I più intelligenti emergono e si affermano, mentre chi resta indietro, intrappolato in ceti sociali inferiori, è perché non ha altrettante doti intellettuali. Siccome le persone intelligenti tendono a sposarsi con partner intelligenti generando così figli intelligentissimi, le differenze intellettuali fra gli intelligenti-ricchi e i non intelligenti-poveri si accentuano sempre più. La curva a campana del titolo è appunto la curva che descrive la distribuzione dei quozienti d'intelligenza: una curva per cui la maggior parte degli individui ha quozienti medi, e valori alti o bassi sono meno frequenti.

Fin qui le razze non c'entrano. Entrano in ballo quando Herrnstein e Murray dichiarano che i valori medi dell'intelligenza, secondo loro misurabili con grande precisione, sono diversi nei diversi gruppi razziali degli Stati Uniti. Queste differenze non si possono giustificare con il fatto che i neri crescono in quartieri più poveri, privi di biblioteche e servizi sanitari, che frequentano scuole peggiori e se vanno all'università non possono permettersi i college migliori. L'intelligenza,

secondo Herrnstein e Murray, è ereditaria quanto il gruppo sanguigno o poco meno, e non c'è prova che possa migliorare se migliorano le condizioni ambientali e gli stimoli culturali in cui crescono i bambini; ergo, i soldi spesi per queste finalità sono buttati via. Tutto bene, insomma, ma c'è un problema. Siccome i neri-poveri fanno tanti figli e i bianchi-ricchi pochi, l'America rischia di diventare sempre più stupida. Bisogna perciò, sostengono gli autori, fare in modo che i ceti più ricchi figolino di più e i ceti più poveri di meno. Spostare gli investimenti sociali dal sostegno alle famiglie povere a quello alle famiglie ricche potrebbe essere una soluzione. Chi ha mai dato un'occhiata a La difesa della razza sa che anche Mussolini aveva, sia pure espressa in maniera più ruspante, la stessa preoccupazione per quella che allora si chiamava la "decadenza dei ceti superiori".

I dati per arrivare a queste energiche conclusioni derivano dallo studio di diecimila candidati, che sono stati ricontattati anni dopo essersi sottoposti a un test d'intelligenza delle forze armate. Secondo gli autori, chi ha ottenuto punteggi alti nel test si ritrova poi alla fine con alti titoli di studio, redditi alti, e basse probabilità di finire in prigione e di divorziare (quindi il divorzio, lo dico per quelli come me che ci sono passati, dev'essere roba da poveracci stupidi).

In un certo senso, Herrnstein e Murray hanno scoperto l'acqua calda. La pretesa dei ricchi di essere anche belli e intelligenti è vecchia come il mondo (ricordate Menenio Agrippa?), e sul valore e sui limiti del quoziente d'intelligenza la letteratura è sterminata. Le nostre capacità cognitive hanno di sicuro una componente ereditaria, ma l'idea che questa componente sia fortissima deriva in larga misura da una frode scientifica. Sir Cyril Burt, negli anni cinquanta, lo ha sostenuto sulla base di studi sui gemelli, in seguito citati da quasi tutti i testi universitari di genetica, ma è provato che ha manomesso o si è inventato i dati. Insomma è possibile e può essere utile misurare con opportuni test certi aspetti delle nostre capacità

cognitive, e così identificare le aree in cui siamo più versati o meno versati. Ma ben pochi credono che i test valutino davvero qualcosa che possiamo chiamare intelligenza generale, per la quale comunque non esiste neanche una definizione soddisfacente, e che sembra riduttivo riassumere semplicemente con un numero. Chi poi propone di usare le medie del quoziente d'intelligenza per stabilire gerarchie di valore fra gruppi di culture diverse o è ingenuo, o è in mala fede. Prima di concludere che per la salvaguardia della nostra qualità biologica dobbiamo togliere ai poveri e dare ai ricchi, bisognerebbe mettersi d'accordo su cosa sia l'intelligenza e poi dimostrare: (1) che il quoziente d'intelligenza misura l'intelligenza; (2) che è ereditario; (3) che le cosiddette razze sono diverse biologicamente; e (4) che prendendo bianchi e neri di reddito equivalente si ritrovano le stesse differenze nel quoziente d'intelligenza: tutte cose molto difficili, tranne la terza che, come abbiamo visto, a quanto pare è impossibile.

Ma se The bell curve è la scoperta dell'acqua calda, e influenti scienziati hanno dichiarato di non aver mai pensato di confutarne gli argomenti da tanto sono banali e primitivi, come mai Newsweek gli dedica la copertina? Come mai il New York Times e il Wall Street Journal lo recensiscono in termini entusiastici? Non lo so, ma insisto: sappiamo molto poco dell'intelligenza e ancor meno delle sue basi genetiche. Il cervello è un prodotto dei nostri geni, come il naso o il pancreas, e non tutti i cervelli sono uguali né ugualmente abili a fare le stesse cose. Ma nel cervello si esprimono due terzi dei nostri geni; le loro interazioni, e gli effetti dei mille fattori non genetici che contribuiscono a formare la nostra personalità, sono formidabilmente complessi e siamo ancora molto lontani dal comprenderli, anche solo superficialmente. Da Linneo a Coon a Herrnstein (Murray no, lui ha un dottorato in scienze politiche), parecchi scienziati sono caduti nella tentazione di parlare di cose che non sapevano come se le sapessero. Vale la pena di ribadire

che, specie quando si affrontano argomenti delicati, conviene parlare di ciò che si sa.

Atleti di razza

Il successo di un testo come *The bell curve* ha scatenato una gara di emulazione in cui il rigore scientifico è andato subito a farsi benedire. Un episodio fra tanti. Nel 1999 Jon Entine in un libro intitolato *Tabù: Perché gli atleti neri dominano gli sport e perché abbiamo paura di parlarne* esamina i risultati di diverse discipline sportive, e conclude che i neri sono intrinsecamente, naturalmente fatti per eccellere negli sport. "La variabile decisiva sta nei nostri geni - le differenze intrinseche fra popolazioni, modellatesi nel corso di migliaia di anni di evoluzione". Se l'eccellenza sportiva ha una base biologica ereditaria, lo stesso varrà per altre caratteristiche umane, per esempio l'intelligenza: pare inevitabile concludere che buone prestazioni sportive sono associate a scadenti livelli intellettuali. E poi non sarà un caso se molti indiani d'America sono alcolizzati, o se i cinesi sono bravi in matematica, no? Entine non è un antropologo e non ha esperienza diretta in materia. Pesca qua e là un bel po' di luoghi comuni sui popoli della terra e, non riuscendo a immaginare alternative, arriva invariabilmente a due conclusioni, sempre le stesse: siamo come siamo perché sta scritto nei nostri geni, e i nostri geni sono così perché siamo divisi in razze differenti. Non ha neanche idea di cosa sia una razza: di volta in volta la razza privilegiata nello sport sembra essere quella africana, e poi si scopre che in realtà sono gli africani dell'est, e poi si scopre che in realtà sono i kenioti, e poi si scopre che in realtà sono i kenioti di una certa tribù. Tutto fa brodo. Nell'inventarsi di sana pianta invasioni arabe che avrebbero conferito agli africani dell'est speciali doti di resistenza, ignote a quelli dell'ovest che però sarebbero più svelti sulle brevi distanze, Entine fa venire in

mente Fritsch e le sue migrazioni immaginarie, solo che lui scrive nel ventesimo secolo, quando il fumo dell'ignoranza dovrebbe essersi diradato parecchio.

La domanda da cui parte Tabù è interessante: perché certa gente emerge, diciamo, nella fisica, e altri nel salto triplo? Ce ne sono altre, simili, ugualmente interessanti: perché gli svizzeri sono precisi, gli spagnoli nottambuli, i greci fumano come turchi e gli italiani violano continuamente il codice della strada? Purtroppo, poste così, non sono domande a cui si possa rispondere scientificamente. La scienza descrive i fenomeni e ne cerca le cause nel mondo fisico, mentre qui siamo alle prese con fenomeni mal definiti, con un minestrone di dati chiari e dati oscuri, conditi da valutazioni arbitrarie e da un sacco di stereotipi. Insomma, stiamo dando la caccia al cavallo immateriale invisibile del capitolo 6. Alla fine del libro ne sappiamo tanto quanto prima: kenioti ed etiopi vincono la maratona (ma non sempre; ad Atene ha vinto uno di Reggio Emilia) mentre nessun cinese ha mai corso i 100 metri in 10 netti. Evviva. E Ella Fitzgerald, che pesava un quintale, poteva anche lei far faville nel mezzofondo? Si potrebbe andare avanti, interrogarsi sul perché i sardi diventano carabinieri e gli zoldani gelatai. Ma finché qualcuno non troverà il gene del carabiniere in Sardegna, del gelataio in val di Zoldo o, nel caso di Entine, della velocità e della resistenza, meglio evitare di inventarsi banalità. Prima o poi penso che scopriremo alcuni alleli che conferiscono maggior resistenza nella corsa. Riparliamone allora, e vediamo se salterà fuori che sono distribuiti per razze (io scommetto di no).

Dimenticavo: abbiamo paura di parlare della superiorità fisica degli atleti neri perché la mentalità progressista, mentalità dominante in America secondo Entine, non ci permette di accettare serenamente la superiorità intellettuale dei bianchi. Cervelli grandi e cervelli piccoli

Insieme a questa roba che con la scienza c'entra poco, ci sono poi lavori scientifici, anche seri, nei quali a un certo punto ci si

dimentica di tutta la letteratura sulla biodiversità umana e si parte per la tangente. Il caso più discusso negli ultimi tempi è quello dell'analisi, per altri versi molto interessante, dei fattori ereditari che ci danno un cervello così grande: più grande, in proporzione, di quello di qualunque altro animale. Una malattia molto rara, la microcefalia primaria, determina una seria riduzione del volume cerebrale, e si sviluppa quando entrambi i genitori trasmettono un allele mutato per uno qualunque di sei geni, che al momento sono oggetto di intense analisi. Il gruppo di Bruce Lahn, di Chicago, ha studiato due di questi geni, microcefalina e ASPM, in una novantina di soggetti sani, cioè dotati di cervelli di dimensioni normali. In due articoli pubblicati sulla rivista Science, Lahn descrive moltissimi alleli diversi (tutti funzionali), due dei quali, uno per ciascun gene, sorprendentemente frequenti. Lahn li battezza D, cioè rispettivamente, microcefalina D e ASPM D, perché gli scimpanzé non ce li hanno, e sono perciò caratteristiche derivate, evolutesi dopo che i nostri antenati si sono separati da quelli delle grandi scimmie. I dati disponibili consentono di attribuire un'età a questi alleli: 37 mila anni alla microcefalina D, 5800 all'ASPM D. Alleli così giovani dovrebbero avere una

diffusione limitata. Perciò, fatti i dovuti calcoli, la loro alta frequenza suggerisce che si siano diffusi rapidamente grazie alla selezione naturale, anche se microcefalina e ASPM fanno tante cose in tanti tessuti, e Lahn non è in grado di definire che tipo di vantaggio evolutivo sia associato agli alleli D. Il messaggio principale del lavoro, quello che suscita un'immediata eco nella stampa, è però che il cervello umano si è evoluto anche in un passato molto recente, e verosimilmente continua a evolversi anche adesso.

Sono conclusioni interessanti, raggiunte al termine di un lavoro stimolante. Purtroppo Lahn non si ferma lì. L'età degli alleli può essere stimata con l'aiuto di un po' di algebra, ma bisogna tener presente che si tratta sempre di calcoli

approssimativi, specie quando si dispone in tutto di 90 individui a rappresentare tutta l'umanità. Lahn non resiste alla tentazione di fare un passo in più e prende alla lettera le sue date. Intorno a 37 mila anni fa, scrive, è documentata l'esplosione dell'arte preistorica in Europa: forse è stata proprio la nuova mutazione, l'allele D al gene della microcefalina, a conferirci la capacità del pensiero simbolico e artistico. Così come potrebbe darsi che sia stata proprio la comparsa dell'allele ASPM D a darci le capacità che hanno portato, più o meno 5800 anni fa, alla comparsa delle prime forme urbane nel Medioriente.

Può darsi, sì: può darsi. Ma può darsi anche di no: chi può dirlo? Presi con il loro errore statistico, cioè considerando l'incertezza che stime di questo genere si portano dietro, i dati dimostrano solo che l'allele D della microcefalina è comparso fra 60 mila e 14 mila anni fa, e quello di ASPM fra 14 mila e 500 anni fa: due lunghi intervalli di tempo in cui sono successe tante cose. Non ci sono relazioni evidenti fra le due mutazioni e gli eventi preistorici a cui Lahn le associa, c'è solo una vaga coincidenza temporale. E poi tutti gli alleli descritti nello studio, non solo D, determinano le stesse dimensioni del cervello (ripetiamolo: la microcefalia primaria è causata da altri alleli, patologici e rarissimi) e nessun dato suggerisce, neanche indirettamente, che chi ha D è più intelligente di chi non ce l'ha. Ma se microcefalina D e ASPM D non ci rendono in qualche modo più intelligenti, le storie del pensiero simbolico e della civiltà urbana non stanno in piedi.

I problemi non si fermano qui. La microcefalina D è molto comune in Europa (i sardi ce l'hanno al 90%, i bergamaschi un po' meno, al 77%), comunissima in Asia e nelle Americhe (con picchi del 100% in popolazioni mongole e cinesi), mentre ha frequenze inferiori nel Medioriente (54% fra i beduini) e decisamente basse nell'Africa subSahariana dove il fanalino di coda sono i san (i boscimani; ricordate?) della Namibia, con un misero 7%. La distribuzione di ASPM D è meno chiara, ma anche

qui ci sono frequenze basse fra gli africani, stavolta alla pari con gli indigeni d'America. Ma anche quel 10% di sardi o quel 23% di bergamaschi che non possiedono la microcefalina D sono capaci di apprezzare l'arte, di esprimersi con un linguaggio simbolico e di vivere in insediamenti urbani. Qual è il loro svantaggio, se è vero come Lahn pensa che D conferisca a europei e asiatici, e meno agli africani, un vantaggio evolutivo?

Lahn ipotizza che una maggiore intelligenza dia una maggiore probabilità di sopravvivere e riprodursi, e quindi di trasmettere alle generazioni future il proprio bagaglio genetico, e fin qui dice cose generiche ma condivisibili. Però non dimostra che c'entrano gli alleli D. Nelle sue mappe si vede solo che in Africa scarseggiano due alleli che forse hanno pesato tanto nello sviluppo culturale dell'umanità. Il forse si attenua in un'intervista al New York Times: "Può darsi che [il mio studio] voglia dire che gente delle diverse parti del mondo ha in media diverse abilità mentali. Per esempio, la gente africana può essere più brava a improvvisare assoli di jazz o a giocare a basket da esterno, o avere altre abilità che richiedono capacità di improvvisazione collettiva e che magari sfuggono ai test per l'intelligenza". Qui Lahn dà già per scontato che gli alleli D determinano un maggior quoziente d'intelligenza; che gli africani, avendo meno alleli D, sono anche meno intelligenti; e sta cercando di trovar loro un mestiere, jazzista o cestista, per il quale non sia indispensabile essere molto svegli. Anche se pronunciate nel corso di un'intervista, queste parole sono gravi, perché è grave per uno scienziato lasciarsi andare a speculazioni infondate come un qualunque Jon Entine: anche se si è un bravo scienziato come Lahn. (Si vocifera che Bruce Lahn intenda abbandonare lo studio della microcefalina, infastidito dalle polemiche seguite a questa e altre sue dichiarazioni consimili. Una leggenda metropolitana, sulla cui validità non garantisco, vuole che nel frattempo abbia scoperto di non possedere gli alleli D. Avrò pesato anche la rianalisi dei suoi dati, curata fra gli altri da Laurent Excoffier e

Sarah Otto, in cui si dimostra che se la nostra popolazione ancestrale in Africa era suddivisa in gruppi un po' diversi fra loro, non c'è bisogno di selezione: bastano la crescita demografica e la migrazione perché qualche allele arrivi ad alte frequenze fuori dall'Africa ma non in Africa, come microcefalina D e ASPM D). Colore della pelle e origini africane

Insomma, funziona così: ogni nuovo studio della variabilità genetica conferma che fra noi ci sono differenze genetiche; sono differenze fra individui; ma, con un salto logico, qualcuno insinua che, in fondo in fondo, si tratta di differenze razziali: i bianchi sono così, i gialli sono così e i neri sono peggio di tutti, a parte che corrono e saltano come stambecchi. Un esempio viene dagli studi di Mark Shriver su diverse popolazioni americane. Shriver vuole individuare all'interno del genoma alcuni alleli specifici di ciascuna popolazione, che inizialmente chiama PSA (population-specific alleles). Non gli interessa cosa facciano questi alleli, molti dei quali non fanno proprio niente, nel senso che occupano regioni non codificanti del DNA: vuole solo trovare caratteristiche specifiche di ciascuna popolazione, e poi utilizzarle per l'identificazione personale. Le polizie di tutto il mondo usano il cosiddetto profilo del DNA per identificare chi ha lasciato tracce di sé, sangue o altri liquidi organici, sul luogo di un crimine. Se le cellule trovate su una cicca di sigaretta nella stanza in cui è avvenuto un omicidio hanno lo stesso profilo del mio DNA, e io sono sospettato di essere l'assassino, dovrò spiegare cosa ci facevo in quella stanza, oppure sarò nei guai. Shriver si preoccupa dei casi in cui il sospetto non c'è, e vuole ricavare dal DNA informazioni che gli permettano di risalire almeno alla comunità d'appartenenza. Dimostra che, analizzando sei PSA, è possibile stabilire con buona approssimazione se un campione di sangue proviene dalla

comunità nera o da quella bianca. Uno di questi PSA è presente nel 76% dei neri e nel 39% dei bianchi americani, un altro nel 13% dei neri e nel 75% dei bianchi, e così via.

Fin qui, i PSA servono per discriminare geneticamente neri e bianchi degli Stati Uniti. Ma a un tratto, il colpo di scena: i PSA cambiano nome. Adesso Shriver li chiama ATM, Ancestry Informative Markers, cioè caratteristiche del DNA che sarebbero informative sui nostri antenati. Sono esattamente la stessa cosa, sono regioni del DNA in cui si trovano differenze fra popolazioni americane, ma col nuovo nome Shriver si sbilancia: secondo lui adesso queste differenze fotografano con precisione il nostro albero genealogico. Prende due campioni di neri e bianchi degli Stati Uniti e gli misura il colore della pelle con uno strumento apposito, il derma spettrometro; scopre che i neri hanno la pelle più scura dei bianchi e che hanno anche frequenze diverse di alleli che un tempo erano PSA, specifici di una certa popolazione. Si sapeva già, specie la faccenda della pelle. Stavolta però, visto che i PSA sono stati promossi ad AIM, ne conclude che con un'occhiata al colore della pelle capiremo che geni abbiamo e da dove provengono i nostri antenati. Le razze, cacciate dalla porta, rientrano dalla finestra. C'è un problema. Nessun dubbio che i neri e i bianchi di Shriver siano diversi. Ma i due campioni non sono rappresentativi dell'umanità. Sono due insiemi di persone evolutisi per millenni uno in Europa, l'altro in Africa, finché, pochi secoli fa, sono finiti nello stesso posto. Gli americani i cui antenati sono prevalentemente o esclusivamente africani hanno, in media, la pelle più scura, e alleli in parte diversi, da quelli di individui i cui antenati sono prevalentemente o esclusivamente europei: ci arrivavamo anche da soli. È stata questa la storia dell'umanità? Ovviamente no, e basta mettere il naso fuori di casa per rendersene conto. In Brasile hanno studiato tre gruppi, diversi per il colore della pelle. Hanno contato gli alleli definiti da Shriver come africani, e hanno visto che fra i tre gruppi non ci sono differenze. Sia i brasiliani di pelle scura che quelli di pelle intermedia o chiara hanno, in media, gli stessi AIM, che quindi non sono AIM, non contengono informazione sugli antenati in generale, ma solo sugli antenati dei due campioni di Shriver.

Scommetto che lo stesso studio, ripetuto in India, porterebbe agli stessi risultati. Insomma, giocare con le sigle non serve. Il colore della pelle non ci dice in generale che alleli porti un individuo, né che frazione dei suoi antenati venga dall'Africa.

L'errore di Shriver sta nel generalizzare conclusioni che invece valgono solo per il suo campione. Anche se confrontiamo due gruppi assolutamente arbitrari, tifosi laziali e tifosi romanisti, alla lunga troveremo qualche gene in cui i due gruppi differiscono fra loro. A questo punto, potremo dire che se sappiamo che uno è laziale sappiamo anche che alleli ha, o semplicemente abbiamo scoperto che quei particolari individui differiscono a quei particolari geni? È chiaro che la risposta è la seconda, e lo stesso vale per l'ambizioso e inutile studio di Shriver. La popolazione degli Stati Uniti ha una storia particolare, si è formata pochi secoli fa, mettendo assieme immigrati provenienti dai quattro angoli della Terra. In molte zone le diverse comunità non si sono fuse e perciò sono caratterizzate da colori della pelle e caratteristiche genetiche diverse, anche se magari c'è solo una strada a separarle. Nel resto del mondo non è così. Se ce ne dimentichiamo, se facciamo confusione fra esseri umani e cittadini americani, combineremo dei pasticci.

Per inciso, il colore della pelle dipende dall'azione di parecchi geni, il principale dei quali si chiama MC1R, recettore 1 della melanocortina. Anche il colore della pelle si è evoluto attraverso la selezione naturale e rappresenta un compromesso fra la necessità di proteggersi dalla radiazione solare ultravioletta e quella di sintetizzare vitamina D, funzione che invece i raggi solari favoriscono. Nelle popolazioni sottoposte ad alti livelli di radiazioni ultraviolette, cioè quelle vicine ai tropici, prevale la prima esigenza, e si sono evolute pelli scure; nelle popolazioni che dispongono di poca luce solare prevale la seconda, e la pelle tende a essere chiara. In tutte le popolazioni le femmine hanno pelli mediamente più chiare dei maschi, e si pensa che dipenda dalla maggiore necessità di disporre di vitamina D durante la

gravidanza e l'allattamento. Popolazioni anche molto distanti (come certi australiani, indiani del sud e africani) evolutesi in ambienti con simile intensità solare hanno pelli di colori simili, ma non per questo sono parenti strette. Perciò le somiglianze che si riscontrano nel colore della pelle non sono quelle che si trovano studiando altri caratteri, morfologici e genetici, e, come ormai sanno tutti ma alcuni dimenticano, non permettono di arrivare a una classificazione stabile dell'umanità. Per le razze contro tutto e contro tutti

Quando si tratta di dimenticare gli studi che non ci piacciono o non ci fanno comodo e di difendere a spada tratta le razze contro tutto e contro tutti, nessuno batte uno statistico di Stanford, Neil Risch. Nel corso degli ultimi quattro anni, Risch si è impegnato a fondo perché venga riconosciuto il ruolo fondamentale di quella che lui chiama l'autoidentificazione razziale. Ognuno di noi sa di che razza è, spiega Risch, e la nostra razza di appartenenza è fondamentale per prevedere il rischio di molte malattie: niente razze, niente più medicina. Riaffermare le basi biologiche della classificazione razziale pone naturalmente parecchi problemi. Come giustificare i risultati dei lavori che, da Lewontin in poi, hanno smentito l'esistenza di confini biologici fra gruppi umani? Risch trova una soluzione brillante: se ne frega, e sviluppa invece un ragionamento non privo di sottigliezza. Per capire come e perché ci ammaliamo bisognerebbe conoscere moltissime cose che non conosciamo: che rischio di ammalarci abbiamo alla nascita, cioè quali sono i geni che ci predispongono alle varie malattie e quanti alleli pericolosi portiamo con noi; e poi che rischi ci derivino dai fattori ambientali che incontriamo nel corso della vita, come l'esposizione al fumo o ad agenti tossici, la dieta, lo stile di vita. È tutto complicatissimo e non c'è speranza di riuscirci presto. Per questo si deve ricorrere ad approssimazioni: il sesso (gli uomini sono più soggetti all'ipertensione delle donne, che però hanno un maggior rischio di sclerosi multipla), l'occupazione (i minatori

hanno un rischio di silicosi che gli altri non hanno), la nostra origine geografica (la malaria, e anche certi geni che proteggono contro il parassita malarico, sono presenti in certe regioni e non in altre). Di tutte le variabili che possono aiutarci a prevedere quanto rischiamo di ammalarci, la più utile, secondo Risch, è la razza. I membri della stessa razza, secondo lui, si assomigliano geneticamente, e quindi hanno lo stesso rischio di malattia, Risch non spiega come fa a dirlo, ma passa direttamente a presentare una figura con, nientemeno, l'albero evolutivo delle razze umane. Ce ne sono cinque: africani, caucasici (cioè europei), isole del Pacifico, asiatici dell'est e indigeni americani. Nella didascalia della figura si dichiara che gli studi di genetica dimostrano che le razze umane sono queste e si rimanda al testo per ulteriori dettagli; ma nel testo non ci sono ulteriori dettagli. Probabilmente è perché gli studi di genetica, quelli che abbiamo passato in rassegna nel capitolo 6, non dimostrano affatto che queste (o altre) sono le razze umane.

Ciliegina sulla torta, al suo catalogo di razze Risch crede così poco che, qualche pagina più avanti, ne elenca ancora cinque, ma non più le stesse. Sono spariti gli abitanti delle isole del Pacifico, e al loro posto fanno il loro ingresso gli ispanici, un gruppo di immigrati di lingua spagnola di cui torneremo a occuparci fra qualche pagina. In un articolo di tre anni dopo sono spariti anche gli indiani d'America e per Risch le razze sono diventate quattro: bianchi, africani, asiatici dell'est (quelli dell'ovest stanno con gli europei) e ispanici.

Dunque è confermata la difficoltà insormontabile a mettersi d'accordo su quali siano le razze umane: il catalogo di Risch non è solo in contrasto con decine di altri cataloghi razziali, ma anche con altri cataloghi di Risch. Quali dei tre Risch si sbagliano? Risch non ha tempo per occuparsi di queste inezie, e proclama bellicosamente che chi non la pensa come lui non deriva le sue idee "da una prospettiva scientifica obiettiva". Ora, questa frase merita un po' d'attenzione. Quasi tutti gli scienziati, e io con

loro, sono convinti che la scienza non possa essere obiettiva. L'abbiamo già detto parlando delle teorie sull'evoluzione umana: i dati scientifici sono lì, potranno essere buoni o cattivi (nel secondo caso, meglio scartarli e raccogliarne altri), ma sono gli stessi per tutti. In un certo senso, anche se solo in un certo senso, si può definirli obiettivi. Per capirli abbiamo però bisogno di un'ipotesi, e le ipotesi riflettono la nostra esperienza, le nostre conoscenze precedenti, tutto un insieme di fattori soggettivi anche se non arbitrari. Si può essere più o meno rigorosi, questo sì, ma obiettivi mai. Nessuno, neanche Risch, lo è: specie quando ci propone tre cataloghi incoerenti delle razze umane.

Risch sorvola sui risultati della ricerca altrui, sulle contraddizioni fra il suo punto di vista e la vasta produzione scientifica che va in senso contrario. Ma alcuni suoi argomenti vanno presi sul serio. È vero che c'è ancora molto lavoro da fare prima di aver compreso l'origine delle malattie, ed è vero che è inevitabile ricorrere ad approssimazioni. Negli Stati Uniti, dove le comunità bianche, nere, asiatiche, ispaniche e via dicendo vivono in sostanza in un regime di segregazione razziale, è possibile attribuire a ciascuna un certo rischio di malattie, rischio che sarà diverso per un nero e per un bianco (ma anche per un figlio di irlandesi e un figlio di italiani). Ma che cosa significano queste differenze, qual è l'elemento comune a tutti i membri di una certa comunità? Risch dà per scontato che siano i geni, noi sappiamo che non possono essere solo loro. E allora? La spiegazione alternativa la fornisce con esemplare chiarezza uno dei padri del Progetto Genoma Umano, Francis Collins: i membri della stessa comunità negli Stati Uniti, ci dice, hanno in comune, oltre a una parte dei loro geni, soprattutto il reddito, il tenore di vita, i livelli di istruzione e l'accesso ai servizi sanitari. È soprattutto la condizione sociale che rende simili i membri della stessa comunità davanti al rischio di malattie. In media, i bianchi sono più ricchi dei neri, crescono in ambienti più salubri, imparano a non mangiare troppe schifezze e se si sentono poco

bene vanno subito dal dottore. Per comprendere cosa determini il nostro rischio di contrarre o sviluppare malattie il termine razza (o l'eufemismo etnia con il quale si intende la stessissima cosa) non serve a niente. Le cause delle malattie stanno negli alleli di ciascuno di noi e in una serie di fattori ambientali ed economici. Cercare di approssimare questi fattori riassumendoli in una categoria razziale non solo è insensato dal punto di vista biologico, ma non porta ad alcun reale progresso dal punto di vista clinico.

Una volta ho detto in pubblico che le razze sono come i sette nani: ci si può credere, specie nell'infanzia, ma poi crescendo si capisce che non esistono. Ho esagerato? Lo ammetto, ho esagerato, ma nel senso che facevo torto ai sette nani. Non c'è dubbio: i sette nani sono sette e si chiamano Brontolo, Pisolo, Gongolo, Mammolo, Eolo, Cucciolo e Dotto. In termini filosofici sono oggetti finzionali, hanno un nome a cui non corrisponde un referente. Le razze invece, le razze di Risch, non arrivano a soddisfare questa condizione: non hanno né un referente né un nome coerente; non hanno neanche un numero. Perciò il loro status ontologico, con tante scuse a Brontolo, è inferiore a quello dei sette nani.

Note

Sulle affermazioni di Philip Rushton a proposito della censura a cui sarebbero sottoposti gli studi sulla razza si può consultare questo sito: <http://www.ferris.edu/isar/arcade/araceapart.htm>. Abbiamo già accennato nel primo capitolo al libro di Murray e Herrnstein *The bell curve : Intelligence and class structure in American Life* (Free Press 1994). È interessante confrontare le tesi di questo libro con quelle espresse in un articolo di Elio Gasteiner (1938) *Un pericolo per la razza. La decadenza dei ceti*

superiori. La Difesa della Razza anno X, numero 2, 26-28. L'affermazione che The bell curve è troppo stupido per meritare una risposta è di David Botstein (1997) Of genes and

genomes in Plain Talk about the Human Genome Project , a cura di E. Smith e W. Sapp, pagg. 207-214. Tuskegee University Press, e l'ho trovata consultando a questo sito

www.farescienza.it/documenti/docum/beckwith/beck3.htm il bel testo di Jon Beckwith sulla responsabilità sociale dello scienziato. Sir Cyril Burt pubblicò negli anni '60 tre studi nei quali si dimostrava una fortissima correlazione fra i quozienti d'intelligenza di coppie di gemelli cresciuti in famiglie diverse. Nell'ottobre del

1976 il Sunday Times denunciava che non era stato in grado di trovare alcuna prova dell'esistenza di due collaboratori di Burt, Margaret Howard e J. Conway, e successive indagini

dimostrarono che i dati erano stati manomessi. Si possono trovare altri dettagli di questa storia e approfondite analisi degli studi sul quoziente d'intelligenza nel già citato Intelligenza e

pregiudizio: le pretese scientifiche del razzismo di Stephen Jay Gould (Editori Riuniti 1985) e in D.B. Paul (1985), Textbook treatments of the genetics of intelligence. Quarterly Review

of Biology 60:317-326, oltre che nel libro di Francesco e Luca Cavalli-Sforza Chi siamo (Mondadori 1993). Il tentativo di attribuire a differenze razziali il successo degli atleti di colore è in J.

Entine, Taboo: Why Black Athletes Dominate Sports and Why We're

Afraid to Talk About It (Public Affairs 2000) e una buona recensione è in

J. Marks (2000), Review of Taboo by

Jon Entine. Human Biology, 72: 1074-1078.

I lavori del gruppo di Bruce Lahn sulle dimensioni del cervello sono:

Evans P.D. e altri (2005) Microcephalin, a gene regulating brain size, continues to evolve adaptively in humans.

Science. 309: 1717-1720, e Mekel Bobrov N. e altri (2005) Ongoing adaptive evolution of ASPM, a brain size determinant in Homo sapiens. Science 309 (5741): 1720-1722. Una loro

ragionata critica a firma di Mathias Currat, Laurent Excoffier e altri (2006) è apparsa su Science 313:172. L'intervista a Lahn è uscita sul New York Times dell'8 settembre 2005 a firma di

Nicholas Wade, col titolo "Researchers say human brain is still evolving". Un commento a firma di Francesco Ferretti è uscito sul Manifesto il 28 luglio 2006.

La descrizione dei geni che permettono di discriminare i gruppi etnici negli Stati Uniti è in M.D. Shriver e altri (1997), Ethnic-affiliation estimation by use of population-specific DNA

markers. American Journal of Human Genetics 60: 957-964, e la proposta che ci sia un rapporto stretto fra questi geni, colore della pelle e antenati sta in M.D. Shriver e altri (2003),

Skin pigmentation, biogeographical ancestry and admixture mapping. Human Genetics 112: 387-399. L'articolo in cui si dimostra che questo rapporto non esiste è F.C. Parra e altri

(2003), Color and genomic ancestry in Brazilians. Proceedings of the National Academy of Sciences USA 100: 177-182. Sull'evoluzione del colore della pelle si possono leggere N.G.

Jabionski e G. Chaplin (2002), Skin deep. Scientific American 287: 74-81 e L. Madrigal e W. Kelly (2006), Human skin-color sexual dimorphism: A test of the sexual selection hypothesis. American Journal of Physical Anthropology (in stampa). I principali lavori sulla razza del gruppo di Neil Risch sono N. Risch e altri (2002), Categorization of humans in biomedical research: Genes, race and disease. Genome Biology 3: 2007.12007-12; E. Gonzalez-Burchard e altri (2003), The importance of race and ethnic background in biomedical research and clinical practice. New England Journal of Medicine 348: 1170-1175; e H. Tang e altri (2005), Genetic structure, self-identified

race/ethnicity, and confounding in case-control association studies. *American Journal of Human Genetics* 76: 268-275.

Meglio leggere di Francis Collins (2004), What we do and don't know about 'race', 'ethnicity', genetics and health at the dawn of the genome era. *Nature Genetics Supplement* 36: S13-S15.

10. Ma se i negri fossero come me
Si chiamerebbero bianchi?

Dove si fanno i conti col senso comune

Chi parla in pubblico finisce per far conoscenza con una categoria di ascoltatori tetri che non sorridono alle battute e scrutano il conferenziere sotto sopracciglia invariabilmente aggrottate. Tipicamente, al momento delle domande, non ne fanno; al massimo borbottano con la moglie, seduta lì di fianco. Poi però, al termine della conferenza, si fanno avanti per illustrare in privato le loro idee al conferenziere, che a quel punto vorrebbe invece andarsi a prendere un chinotto: monologano a lungo, arrestando con gesti decisi della mano ogni tentativo di interloquire. Bene, una volta uno di questi signori, a Milano, mi spiega per dieci minuti che non siamo tutti uguali (giusto), quindi mi afferra il polso, dichiara: "Ci pensi. Se i negri fossero come me si chiamerebbero bianchi!" E se ne va senza lasciarmi il tempo di rispondere. Ci ho pensato, sì. E sono arrivato alla conclusione, forse banale, che non basta parlare di come siamo fatti, quanto siamo diversi e come sono distribuite queste differenze nei geni dell'umanità. Una volta spiegato tutto questo bisogna comunque fare i conti col senso comune, con le idee che ci siamo abituati a frequentare, e che possono essere molto diverse. L'obiezione del signore di Milano non è molto interessante, se non per la forma in cui è stata espressa, perché nasce da un equivoco: non c'è dubbio, non siamo tutti uguali, dire che nell'uomo non ci sono razze non significa questo. Ma

altre obiezioni sono più articolate e vanno discusse. Allora: magari non si riuscirà a definirle precisamente in termini genetici, ma servono almeno a qualcosa le razze? Le razze servono comunque a descrivere i geni dell'umanità? È un po' come dire che, nonostante tutta l'evidenza contraria, per descrivere come variano i nostri geni conviene ancora far finta che le razze esistano. È una posizione per me incomprensibile, ma va presa sul serio perché affiora fra le righe di alcuni lavori scientifici anche ben fatti, per esempio uno studio a cui abbiamo già accennato nel capitolo 6. Nella loro analisi di moltissimi geni, prima 377, e in seguito quasi 1000, Noah Rosenberg e i suoi collaboratori hanno cercato di raggruppare le popolazioni della terra in base alle loro affinità genetiche. Hanno concluso che esistono sei gruppi genetici principali: gli africani, gli europei insieme alle popolazioni dell'Asia occidentale, l'Asia dell'est, l'Oceania, le Americhe, e i kalash del Pakistan. Questi gruppi non sono ben distinti, e facendo un po' di altri conti salta fuori che forse non sono sei, ma sette, otto o più, molti dei quali localizzati nelle Americhe. Come abbiamo visto, se n'era già accorto anche Darwin. Ma lasciamo perdere. Rosenberg non si avventura esplicitamente sul terreno, ormai infido, della classificazione razziale, ma conclude che questi gruppi corrispondono abbastanza bene al "concetto comune di razza". Tutto sommato, basta guardare il colore della pelle di un individuo, o meglio ancora domandargli a che razza pensa di appartenere, per avere un'idea, approssimativa finché si vuole ma non sballata, delle caratteristiche genetiche di quell'individuo. È, espressa in modo più cauto, l'idea di Mark Shriver e dei suoi AIM.

Allora vale la pena di ripetere che un 10% di differenze fra i continenti, la presenza di pochissime caratteristiche specifiche di Asia ed Europa, la mancanza di correlazione fra colore della pelle e origini africane e il fatto che geni diversi suggeriscono diverse suddivisioni dell'umanità lasciano poche speranze di identificare una volta o l'altra le razze umane. Indovinare sulla base del

colore della pelle che allele porti un certo individuo è ormai più difficile che andare a tipizzare direttamente quell'allele. Ma il problema principale, e finora insolubile, è che non esiste un "concetto comune di razza". Qual è? Quello di Linneo, di Blumenbach, di Cuvier, di Biasutti? Quello di Risch a pagina 3, quello di Risch a pagina 9, o quello di Risch tre anni dopo? Di quante razze stiamo parlando? Se parliamo di sei, nessuno si è mai sognato di riconoscere ai kalash lo status di razza, alla pari con africani o asiatici. Va bene, forse i kalash sono l'eccezione, il gruppo finora sconosciuto. Invece gli altri cinque gruppi rappresentano entità continentali, più o meno, fra le quali le differenze morfologiche sono evidenti. Già, ma evidenti a chi? Non è così semplice. Se per strada in Giappone, incontriamo un burakumin, noi non ce ne rendiamo conto, ma i giapponesi sì.

Siamo proprio sicuri che gli asiatici dell'est siano comunemente percepiti come diversi dagli asiatici centrali, che ognuno distingua a prima vista i coreani dagli uyghuri? E poi nel mondo ci sono concetti di razza diversi. Tanto per dirne una, nel Sudafrica dell'apartheid i cinesi erano considerati asiatici e i giapponesi bianchi. Dunque, non sta in piedi neanche la pretesa che i geni, alla fine, suggeriscano l'esistenza di gruppi che più o meno assomigliano alle razze che tutti conosciamo: perché, appunto, non ci sono razze che tutti conosciamo, ma gruppi definiti in base alle sensibilità culturali, che sono diverse. La cosiddetta razza ispanica è la dimostrazione migliore che i concetti comuni di razza non c'entrano con la scienza. Negli Stati Uniti chiamano ispanici gli immigrati che parlano spagnolo: due caratteristiche, la lingua e l'essere immigrato, che ovviamente non hanno nulla a che vedere con i nostri geni. Neil Risch sostiene che ognuno di noi sa a che razza appartiene, e Noah Rosenberg ne è abbastanza convinto, ma a casa sua nessun portoricano o salvadoregno si sognerebbe mai di definirsi ispanico. È insensato proporre gli ispanici come una razza biologica, perché comprendono di tutto: individui di chiara

origine africana, i discendenti degli schiavi deportati dal seicento in poi; individui di chiara origine europea, i discendenti dei colonizzatori; individui di origine americana, i pochi discendenti dei colonizzati; e soprattutto individui di origini miste, perché dal Messico in giù schiavi, colonizzatori e colonizzati si sono mescolati fra loro.

Insomma, basta riflettere un momento sulla cosiddetta razza ispanica per mettersela via una volta per tutte con l'idea che queste categorie razziali appartengano alla scienza o le siano di qualche utilità. I concetti comuni di razza appartengono al senso comune, che notoriamente fa spesso cilecca. E se proprio vogliamo flirtare col senso comune, allora non nasconderò una certa simpatia per la classificazione razziale dei bribri del Costa Rica. Secondo loro le razze sono due: i bribri, che significa gli uomini, e sarebbero per l'appunto loro; e gli na che sarebbero tutti gli altri; na significa anche cacca. Certo questa classificazione rivela un forte etnocentrismo e una sgradevole arroganza: ma un etnocentrismo e un'arroganza non superiori, a voler essere precisi, a quelli di chi piazza i bribri nella razza ispanica, con Isabel Allende e l'attaccante della Juventus Marcelo Zalayeta. Le razze servono a scopi clinici?

C'è chi sostiene che le razze servono a scopi clinici. È un po' la posizione di Neil Risch, a parte il fatto che lui è convinto che le razze abbiano anche un'identità genetica precisa. A questa posizione si oppongono però, come abbiamo visto, molte considerazioni. È stato finora impossibile mettersi d'accordo su quali siano le razze; in società molto frammentate come quella degli Stati Uniti esistono differenze genetiche fra gruppi, ma il mondo è un posto molto più grande degli Stati Uniti, e lì gli stessi gruppi non ci sono; e per capire qualcosa dei geni di qualcuno, la cosa migliore non è lambiccarsi il cervello sulla sua affiliazione razziale, ma studiare questi benedetti geni.

Resta il fatto che in parecchie popolazioni si trovano, a frequenze di volta in volta particolarmente alte o

particolarmente basse, alcune varianti genetiche patologiche. Elizabeth Phimister cita come esempio i messicani del Texas per un allele che determina una forma di diabete, e gli abitanti dell'isola di Tristan da Cunha fra cui raggiunge una frequenza elevata un allele che predispone all'asma. Si potrebbe allungare di molto la lista. In Sicilia e nel delta del Po è presente una variante della globina beta che provoca la talassemia beta o microcitemia, il morbo di Tay-Sachs è relativamente comune fra gli ebrei ashkenazi, i pima dell'Arizona hanno l'incidenza di diabete più alta del mondo e in Finlandia sono assenti molte malattie genetiche piuttosto comuni nel resto d'Europa, ma sono presenti a frequenze relativamente alte altre malattie genetiche che non si riscontrano altrove. Se buttiamo via il concetto di razza, come faremo a spiegare tutte queste differenze? La risposta è che queste differenze sono importanti dal punto di vista clinico, ci dicono qualcosa sui geni delle popolazioni e sulla loro storia, ma non c'entrano con le razze, per due ottimi motivi. Il primo è che (per fortuna) non tutti gli ebrei ashkenazi hanno il morbo di Tay-Sachs e non tutti i siciliani sono microcitemici, anzi: la gran parte della gente in queste popolazioni sta bene e non porta nel genoma questi alleli patologici. Dire che gli ebrei ashkenazi sono la razza che ha il morbo di Tay-Sachs è una sciocchezza, perché allora cosa ne facciamo di Sigmund Freud e di tutti gli altri che non hanno il Tay-Sachs? Il secondo motivo è che ognuna di queste varianti patologiche è distribuita in modo diverso e in aree che non corrispondono alle liste di razze che abbiamo incontrato nel capitolo 5. Nessuno, almeno finora, ha parlato di razza finlandese, messicana del Texas o ashkenazita. Quanto a Tristan da Cunha, è abitata da una piccola popolazione europea stabilitasi sull'isola all'inizio dell'ottocento. Gli abitanti di Tristan da Cunha, i messicani del Texas, i finlandesi e tutti gli altri sono popolazioni, non razze:

gruppi di individui che occupano un certo territorio. Le loro particolarità derivano dal fatto che queste popolazioni sono o

erano piccole e isolate. In una popolazione numerosa è improbabile che un allele svantaggioso diventi frequente, ma se ci sono dieci famiglie in tutto basta che qualche caratteristica patologica si trasmetta in una famiglia perché la si ritrovi nel cinque o dieci per cento degli individui.

Restare legati al concetto di razza complica, non semplifica, lo studio dei caratteri patologici. Per esempio, la frequenza dei portatori di talassemia beta varia dallo zero al venti per cento nelle popolazioni dei diversi continenti; la talassemia beta non appartiene né agli africani né agli europei né agli asiatici. Se si va a studiare la cosa in dettaglio ci si rende subito conto che le varie forme di talassemia sono comuni nelle aree dove la malaria era o è endemica: in certe zone dell'Africa, del sudest asiatico, lungo le coste mediterranee e del Medioriente, perché gli individui talassemici hanno, oltre a una moderata anemia, una maggiore resistenza al parassita della malaria. Dunque, il concetto di razza non è solo inutile, ma è chiaramente fuorviante per scopi clinici, perché nella stessa razza si ficcano insieme popolazioni che hanno alte incidenze della patologia (per le talassemie: sardi, greci, siciliani, libanesi, polesani) e popolazioni che hanno incidenze basse o zero (islandesi, scozzesi, baschi, polacchi).

Insomma, alte incidenze di certe malattie e di certi alleli patologici sono tipiche di particolari popolazioni, non di certe razze. A quanto pare alcuni autori, sbagliandosi, hanno usato disinvoltamente la parola razza quando invece intendevano popolazione. Se è così, il problema è solo semantico e può essere facilmente risolto con un uso più attento del dizionario.

Se invece dicendo razza si intende proprio razza, non ci siamo. Un esempio molto chiaro è quello di CYP2D6, uno dei geni la cui azione regola la velocità con cui il nostro organismo elimina molti farmaci. Ci sono, l'abbiamo visto, differenze genetiche fra chi li elimina rapidamente e chi li elimina lentamente e l'industria farmaceutica ha accarezzato l'idea di sviluppare prodotti a dosaggi differenti, rivolti a mercati

differenti. Qui mercato vuol dire razza: l'idea funziona se tutti i cinesi hanno un certo metabolismo, tutti gli europei un altro, e così via. Non ha funzionato. Confrontando quasi novemila europei e asiatici, si è trovato che, in media, gli europei eliminano i farmaci un po' più rapidamente, ma soprattutto che in entrambe le popolazioni sono presenti individui a metabolismo lento, a metabolismo rapido, e tutte le sfumature intermedie. Un dosaggio specifico per asiatici ed europei non esiste, mentre è possibile scoprire, per ciascun individuo, il dosaggio ottimale. Anche nella farmacogenetica, chi insiste a parlare di razze umane crea solo equivoci. Le razze servono alla polizia?

Ma se le razze non esistono, com'è che gli scienziati forensi sono così bravi a trovarle? ha chiesto in un suo saggio Norman Sauer. Si riferisce al fatto che in molti Paesi le polizie classificano i loro soggetti in base a schemi razziali. Ricordate i telefilm in cui un agente rincorre un tizio per le strade di Manhattan scandendo ai walkie-talkie: "Maschio, caucasico, età apparente quarant'anni"? Ecco. Bene, vediamo un po'; se le razze sono categorie biologiche, devono essere le stesse per tutti. Per l'FBI ci sono cinque razze: si può essere caucasico, oppure afroamericano, ispanico, est asiatico o indigeno americano. Anche per Scotland Yard si può appartenere in tutto a cinque razze, però secondo loro si può essere europeo, afro-caraibico, dei subcontinente indiano, del sudest Asia o del Medioriente. Come si vede, c'è solo una razza in comune fra i due sistemi, l'afro-americana o afro-caraibica. Tutte le altre sono diverse, con alcune differenze macroscopiche: gli indiani dell'India in America sono un po' bianchi e un po' neri, gli europei e i medio orientali della classificazione inglese compongono la stessa razza caucasica in America, dove così c'è spazio per una razza americana che in Inghilterra non è contemplata.

Nella pratica, queste differenze non creano gravi problemi alle due polizie. Le due liste rappresentano classi di persone che

possono comunemente rientrare fra i sospetti di un reato. Non ho idea di come Scotland Yard cataloghi gli eschimesi, ma non importa perché gli eschimesi a Londra commettono pochissimi crimini. Ma torniamo al nostro problema: se le polizie di due Paesi culturalmente e storicamente così vicini come il Regno Unito e gli Stati Uniti utilizzano liste di razze così radicalmente diverse, vuol dire che si tratta di etichette arbitrarie, che non possono essere prese sul serio se vogliamo capire la biodiversità umana. Torniamo al giocatore uruguayano Marcelo Zalayeta. In Inghilterra lo definirebbero afro-caraibico; l'Uruguay non si affaccia proprio sul mar dei Caraibi, ma pazienza. In America, invece, Zalayeta sarebbe afro-americano se stesse zitto, ma appena aprisse bocca cambierebbe razza diventando ispanico. C'è poco da fare: queste liste funzionano per scopi pratici limitati, quali quelli che la polizia si pone, ma valgono zero come sistemi di classificazione generale dell'umanità. Per concludere, non vedo alcun motivo pratico, concreto per continuare a usare categorie razziali. Se non ci sono alternative, è vero, un sistema di conoscenze imperfetto può essere meglio di niente. Quando Mendel definisce il gene non si sa ancora che i geni sono fatti di DNA, ma l'idea funziona e apre la strada a scoperte di grande rilievo. Però non si può dire lo stesso dell'idea della suddivisione razziale dell'umanità. L'alternativa c'è, molto chiara, e consiste nel dire che le differenze fra noi sono in parte dovute a fattori genetici, in parte a fattori ambientali o culturali, ma sono essenzialmente differenze fra individui, non fra gruppi razziali separati da barriere. Da lì si potrà andare avanti. Se qualcuno progettasse la prossima impresa spaziale sulla base del sistema geocentrico tolemaico gli astrofisici lo prenderebbero a pernacchie. Non si vede perché fra i biologi debba andare diversamente. Ovviamente le parole non possono essere bandite per legge. Si può suddividere l'umanità in tanti modi, tracciare dei confini anche se magari non hanno una base biologica, e poi chiamare le entità così definite in tanti modi: varietà,

sottoinsiemi, comunità, popolazioni; e quindi anche razze, perché no? Be', io dico di no. Fermo restando il diritto di chiunque di dire quello che vuole, per comunicare conviene rispettare un minimo di convenzioni. "Mille grazie" denota un livello di riconoscenza maggiore di "Ti venisse un colpo". Posso scegliere, capricciosamente, di esprimere riconoscenza con la frase "Ti venisse un colpo", ma la mia vita di relazione ne soffrirà e forse mi beccherò un cazzotto. Allo stesso modo, chiamare "razze" delle cose che razze non sono ostacola la comunicazione e moltiplica gli equivoci. Meglio, quando possibile, chiamare le cose col loro nome, ricordando l'insegnamento di Nanni Moretti: "Chi parla male pensa male e vive male".

Note

Lo studio del 2002 di Noah Rosenberg e collaboratori è citato nelle note al capitolo 6; ne è uscito un aggiornamento: N. Rosenberg e altri (2005), Clines, clusters, and the effect of study design on the inference of human population structure. PloS Genetics 1 : e70. La rianalisi di questi dati e la conclusione che i gruppi genetici umani sono più di sei è in G. Barbujani e E.M.S. Belle (2006), Genomic boundaries between human populations. Human Heredity 61: 15-21. Devo a Lorena Madrigal l'informazione sulle razze dei bri bri.

Sull'importanza delle razze nella medicina, E.G. Phimister (2003), Medicine and the racial divide. New England Journal of Medicine 348: 1081-1082. Il confronto farmacogenetico fra asiatici ed europei è in T. Shimizu e altri (2003), Bioinformatics research on inter-racial differences in drug metabolism. Drug Metabolism and Pharmacokinetics 18: 48-70. Sulle talassemie: D.J. Weatherall e J.B. Clegg (2001), The Thalassemia Syndromes. 4th ed. Blackwell Science.

Neanche a farlo apposta, le razze usate dalle polizie si sono dimostrate, ancora una volta, altamente instabili. Quelle americane sono tratte da Standards for the Classification of Federal

Data on Race and Ethnicity, voi 60 (1995), a cura del Federal Register. Avevo trovato l'elenco di quelle inglesi al sito www.forensic.gov.uk/forensic/foi/foi_docs/43L_Commonplace_characteristics.pdf, ma il sito non c'è più, e su Wikipedia

<http://en.wikipedia.org/wiki/Race> scopro invece che adesso in

Inghilterra preferiscono un sistema a 16 razze, il che conferma, se ce ne fosse bisogno, che dalle polizie non possiamo attenderci una descrizione scientifica e fedele della biodiversità umana. Le sedici nuove categorie sono: W 1 (bianco-britannico), W 2 (bianco-irlandese), W 9 (bianco-altro); M1 (bianco e nero caraibico), M2 (bianco e nero africano), M3 (bianco e

asiatico), M9 (altra origine mista); A1 (asiatico-indiano), A2 (asiatico-pakistano), A3 (asiatico-del Bangla Desh), A9 (altra origine asiatica); B1 (nero caraibico), B2 (nero africano), B3 (altra origine nera); O1 (cinese), O9 (altro). Ringrazio Giovanni Boniolo per molti commenti su questo capitolo. Se non ricordo male, la citazione di Nanni Moretti viene da "Palombella rossa".

11. Tutti parenti, tutti differenti

Dove ci si dà appuntamento per le prossime puntate

Tempo fa ho concluso il mio corso improvvisando una lezione sui limiti della scienza. Era stato un anno fortunato. Gli studenti, tranne uno, erano svegli, e alcuni decisamente appassionati; si capiva che ci sarebbero stati dei trenta e lode. Era il corso avanzato, era una mattina fresca di primavera. Non ricordo bene di cosa ho parlato, ma avrò detto che con le nostre statistiche tentiamo di riassumere giganteschi fenomeni planetari per mezzo di pochi numeri, una semplificazione formidabile e per certi versi brutale che però ci permette di comprendere qualcosa, qualcosina, di un passato altrimenti impossibile da conoscere. Avrò detto che di milioni di eventi non sapremo mai nulla, perché se ne è persa completamente traccia o perché i nostri metodi evoluzionistici non bastano a ricostruirli, ma proprio per questo le conclusioni a cui siamo arrivati sono preziose, una difficile e delicata costruzione intellettuale non priva di bellezza, su cui nessun vescovo può permettersi di sputare. E di sicuro ho detto che il piacere della scienza sta nel dedicarsi ai suoi aspetti controversi, e quanto sia importante, ma anche difficile, distinguere fra ciò che i dati dimostrano, ciò che suggeriscono, e ciò che non dimostrano né suggeriscono ma di cui siamo lo stesso convinti. Mi sembrava di capire, dagli sguardi degli studenti, dal loro silenzio, che le mie parole li toccavano nel profondo, e mi godevo quello stato di grazia così raro, la condizione di vuoto nella quale, se siamo samurai, ci riesce la

mossa più difficile, o se siamo soprani l'acuto più impervio. Perciò sono rimasto a bocca aperta quando un ragazzo, già distintosi durante l'anno per la fiducia eccessiva nei propri mezzi intellettuali, ha concluso: "E quindi la scienza dimostra tutto e il contrario di tutto". Spero di aver evitato almeno questo equivoco e che nessun lettore, arrivato qui, la pensi come quel disgraziato. Non è vero. Anzi: è vero il contrario. Sebbene la scienza non possa dimostrare in nessun caso che una teoria è giusta, ha però i metodi e i test per dirci se una teoria è sbagliata, cioè se è in conflitto con i dati sperimentali. In questo modo si possono scartare le ipotesi che non funzionano e sottoporre continuamente le proprie conclusioni al vaglio della critica. Proprio nella consapevolezza dei suoi limiti sta la forza della scienza: nella capacità di rivedersi, correggersi e ampliarsi incorporando nuovi elementi di conoscenza, cosa che nessun sistema di pensiero fondato su verità rivelate è in grado di fare.

Qualcosa sappiamo. Non so, nessuno può dire, quante delle convinzioni espresse in questo libro saranno ancora valide fra venti o cinquant'anni. Ma al momento non c'è motivo di credere che la specie umana sia suddivisa in gruppi biologici distinti, evolutisi naturalmente, che possiamo legittimamente chiamare razze, qualunque sia la definizione di razza che adottiamo.

Nei prossimi anni si accumuleranno montagne di nuovi dati sulla variabilità del genoma, sui tanti geni studiati finora solo in pochi individui. Ed è ancora quasi del tutto inesplorata l'interazione fra geni, il modo in cui tanti geni diversi concorrono a formare un certo aspetto del nostro corpo e soprattutto della nostra mente. Comprendere in che modo funziona il nostro cervello è forse la sfida più importante della biologia

futura: restate in ascolto se volete saperne di più, i prossimi anni si preannunciano molto interessanti. Si tratta di un argomento formidabilmente complesso, una sfida intellettuale da far tremare le vene ai polsi, che potrà essere affrontata solo mettendo assieme competenze diverse, da quelle dei linguisti a

quelle dei neurofisiologi, da quelle degli psicologi a quelle, naturalmente, dei genetisti. E degli evoluzionisti: una linea di ricerca molto promettente consiste nel confrontare i genomi di uomo e scimpanzé, individuare in quali geni ci siano differenze molto marcate e andarli a studiare nel dettaglio per capire bene cosa fanno.

Al momento, sulla base di quello che sappiamo, sono cadute le ragioni tradizionali per pensare che la nostra specie sia composta di razze diverse. In attesa del futuro, oggi l'onere della prova va a quelli che, nonostante tutto, continuano a sostenere il contrario. Se si metteranno d'accordo su un elenco di razze e troveranno modo di dimostrare che queste razze sono geneticamente differenziate (due imprese finora risultate impossibili) le loro convinzioni andranno prese sul serio. Altrimenti continueranno a essere quello che sono ora, chiacchiere da bar. Avevamo cominciato chiedendoci se esistano gruppi umani così diversi fra loro che si possano ragionevolmente chiamare razze e se, ammesso che le razze esistano, sia socialmente accettabile chiamarle col loro nome. A questo punto mi pare che sulla risposta alla prima domanda possano esserci pochi dubbi e dunque che la seconda non abbia senso. Piuttosto, un'altra domanda è inevitabile. Se tanti dati, provenienti da tanti laboratori diversi, concordano nel dirci che la specie umana, a differenza delle lumache e dei cani, non è composta da razze distinte, come mai il concetto di razza non tramonta, ma anzi tanta gente lo difende appassionatamente? Non siamo tutti uguali

A questa domanda, che a me sembra fondamentale, non so dare risposta. Me ne sono venute in mente parecchie, nessuna davvero buona. Forse il concetto di razza resiste perché ci sono stati equivoci su cosa significhi dire che non ci sono razze nell'uomo. Titoli come il già citato *Razza: La realtà delle differenze umane* di Sarich e Miele lo fanno pensare. In quel libro, e in altri, si insiste sulla variabilità biologica della nostra

specie per arrivare a sostenere che se c'è questa variabilità ci sono anche le razze. Se è così, vale la pena di ripetere una volta di più che siamo tutti d'accordo sul fatto che gente di origini differenti ha aspetto fisico diverso. Gli europei hanno mediamente la pelle chiara, gli australiani e gli africani al di sotto del Sahara la pelle scura; i tutsi sono mediamente più alti dei pigmei, gli occhi dei siberiani sono più stretti di quelli dei somali e se vi piacciono le bionde cercatele in Estonia, non in Vietnam. Passando alla fisiologia, le popolazioni himalaiane trasportano ai tessuti l'ossigeno dell'aria meglio di quelle andine che ad alta quota ci sono arrivate più tardi, e i giapponesi sono più intolleranti al lattosio degli austriaci. Queste differenze sono ereditarie, ma con le razze non c'entrano. Dicendo che nell'uomo non ci sono razze intendiamo invece sottolineare che non si trova e non si è mai trovato, nonostante secoli di sforzi, un modo per tracciare confini biologici chiari fra le popolazioni umane. In Africa, Asia, Europa, Oceania ed America troviamo essenzialmente le stesse varianti geniche, in proporzioni diverse; nessuno è ancora riuscito a definire una razza sulla base di caratteristiche genetiche, prese da sole o in combinazione, condivise da tutti i suoi membri e rare o assenti in chi di quella razza non fa parte.

Miti fondatori

Oppure, a parte gli equivoci, può darsi che sia difficile rinunciare a certi miti sulla nostra origine. La società dell'Uzbekistan è tradizionalmente strutturata in tribù, divise in clan e questi ultimi divisi in famiglie. Tutte queste entità vengono fatte risalire a un comune antenato lungo la linea di discendenza maschile: ogni tribù è convinta di discendere da un unico, remoto fondatore. Se è così, i cromosomi Y, quelli trasmessi di padre in figlio insieme al cognome, dovrebbero essere tutti identici all'interno di questi gruppi. I ricercatori coordinati da Evelyne Heyer e Lluís Quintana Murci, del Museo dell'Uomo di Parigi, sono andati a controllare. Hanno visto che in effetti all'interno della stessa famiglia i maschi, con poche

eccezioni, hanno lo stesso cromosoma Y, ma le cose non stanno già più così se si passa ai clan, e all'interno della stessa tribù ci sono già tante differenze quante ne esistono fra tribù differenti. In altre parole, questi gruppi si mantengono compatti richiamandosi alle comuni radici biologiche e a un'eredità trasmessa di padre in figlio, ma nei fatti l'antenato comune delle tribù è un'invenzione.

Può darsi che non si tratti di un caso tipico solo dell'Asia centrale. Può darsi che ci siamo accontentati di spiegazioni troppo semplici, che abbiamo preso troppo sul serio l'idea, intuitiva ma non dimostrata, che le ossa che troviamo in un certo posto siano per forza quelle degli antenati dei suoi abitanti moderni: chi sta oggi in Bretagna discende dai celti, chi sta a Volterra dagli etruschi e così via. Quest'ultimo esempio non è preso a caso. L'unico modo per capire se davvero c'è tanta continuità genealogica è confrontare il DNA di persone antiche e moderne. È un'operazione complessa e i suoi risultati vanno presi con cautela, ma nei pochi lavori disponibili si è visto che le popolazioni moderne non assomigliano se non superficialmente a quelle che stavano negli stessi territori duemila anni fa o giù di lì. Vale per i toscani, che non dimostrano relazioni particolarmente strette con gli etruschi, vale per la popolazione cinese di Linzi di 2500 anni fa, che è più vicina agli europei che ai cinesi attuali. Vale anche, mi dice David Caramelli, per i sardi, che a quanto pare non c'entrano molto coi loro predecessori della civiltà nuragica.

E forse non c'è bisogno di risalire così indietro. Franz Manni del Museo dell'Uomo di Parigi ha studiato la distribuzione storica di novemila cognomi in Olanda, scoprendo che in certe zone meno del 30% degli individui discendono da antenati che stavano nello stesso posto al momento in cui i cognomi sono entrati in uso, cioè pochi secoli fa. Siamo una specie molto mobile, il che significa che i nostri antenati, nel corso del tempo, venivano da tanti posti differenti. Forse ammetterlo è difficile,

forse siamo inconsapevolmente affezionati all'idea che apparteniamo, senza se e senza ma, a un popolo, con una sua identità ben definita, una sua cultura, una sua lingua e una sua forte continuità genealogica sul territorio: a qualcosa che non è poi tanto diverso da una razza.

Se è così, le conoscenze attuali sono ancora frammentarie, ma non confermano questa idea. Chi sono, o erano, i celti? Per i romani erano i galli, per gli archeologi sono il popolo del nord Europa i cui reperti sono definiti come culture Hallstatt e La Tène; per i linguisti sono celtiche alcune lingue indoeuropee come il gallese, il bretone e il gaelico, e gli storici dell'arte chiamano celtiche le forme artistiche tipiche dell'Irlanda nel primo millennio dopo Cristo. La parola è entrata poi nell'uso comune, per definire musiche e leggende che si ritengono legate a una qualche tradizione nordica. Ma siamo sicuri che tutte queste caratteristiche appartenessero a un popolo, che si riconosceva come tale, stava in un certo posto in un certo periodo e aveva un nome per definirsi? L'archeologo inglese Colin Renfrew ha dimostrato in maniera brillante che non è così: la parola celti, per i greci e per i romani che da loro l'hanno mutuata, definiva semplicemente gli stranieri che stavano a nordovest ed erano "barbari", cioè, etimologicamente, non parlavano bene, balbettavano. Questo termine è stato poi preso in prestito da archeologi, linguisti e antropologi, ma ognuno l'ha piegato alle sue finalità. Renfrew conclude che l'identità celtica è un'identità fittizia, sotto cui si affollano popolazioni, culture archeologiche, forme artistiche e lingue differenti, accomunate solo dal non essere romane né greche. Può darsi che anche altre identità affondino nel mito le loro radici. Concetti come "Occidente" e "Oriente" non hanno fondamenta più solide; si può provare a definirli in termini geografici o culturali, ma certo non associarli a un popolo che è sempre stato lì. Non Lewontin o Darwin, ma Voltaire. O forse tutto è più semplice. Può darsi, ho pensato spesso, che le idee abbiano una loro inerzia, che

continuino a sopravvivere un po' come certe stelle morte, migliaia di anni luce lontane dal nostro sistema solare, che per noi continuano a brillare anche se non emettono più energia. L'idea della suddivisione razziale umana è stata con noi fin dall'inizio della scienza; non può svanire in cinque minuti. Si potrebbe stiracchiare ancora un po' questa metafora sostenendo che, esattamente come le stelle morte sembrano ancora brillare solo a chi sta lontano da loro, l'idea di razza regge solo per chi è lontano dal dibattito scientifico. Perciò le cose continueranno così ancora per un po', finché a un certo punto nessuno ci penserà più. Per quanto esteticamente soddisfacente, questa interpretazione non mi piace, per due motivi. Il primo e

più importante è che pensarla così porta a concludere che basta lasciar fare al tempo e tutto si risolverà. Al contrario, mi pare di poter dire che, quando si tratta di pregiudizi, lasciar correre significa lasciarli sedimentare finché diventano, a poco a poco, senso comune. Il secondo motivo è che comunque l'idea di razza, per quanto indebolita, persiste anche negli ambienti scientifici, anche in Paesi scientificamente avanzati come gli Stati Uniti, dove anzi mi sembra ancora l'idea dominante. In questi Paesi, compreso il nostro ormai, anche l'insegnamento dell'evoluzione nella scuola pubblica è sotto attacco, e ai risultati della ricerca scientifica vengono sempre più contrapposte certezze derivate da testi che con la scienza non hanno nulla a che vedere. Quindi qualche somiglianza fra le polemiche sull'evoluzione e quelle sulla razza è innegabile, e si sarebbe tentati di stabilire un parallelo fra i due fenomeni, ma c'è anche una differenza. Sulla razza si confrontano, da posizioni diverse, scienziati: di opinioni contrastanti, ma pur sempre scienziati. Al contrario, l'attacco all'evoluzione è un attacco portato alla scienza dall'esterno, rispetto a cui le posizioni della comunità scientifica sono di fatto univoche. Quando scrive che chi non riconosce la mano di Dio nell'universo è un pessimo scienziato, il vescovo Schonborn mette in imbarazzo gli evoluzionisti che sono

anche credenti perché crea un conflitto fra la loro scienza e la loro religione, ma i suoi argomenti hanno lo spessore intellettuale di un coro da stadio. Ben diverso è il caso dell'idea che le razze, in fin dei conti, ci sono: un'idea espressa anche da scienziati rispettabili, in maniera circostanziata, e su riviste scientifiche di alto profilo.

Però, però, però. Forse il punto di contatto è un altro. Forse il fastidio che si percepisce sia per l'evoluzione sia per lo studio critico della diversità umana ha cause più profonde, che con la scienza, con Lewontin e Darwin, c'entrano solo di striscio. Forse sta andando in crisi in generale l'idea che alle domande, grandi e piccole, che i nostri tempi ci pongono si possa rispondere con criteri che sono tipici della scienza, ma non solo della scienza: l'attenzione per le opinioni altrui, lo sforzo di definire esattamente i problemi, la razionalità, il dubbio. Mi è venuto in mente guardando un dibattito televisivo in cui si parlava di tutt'altro, del Medioriente. Era stato firmato un accordo fra israeliani e palestinesi, e i loro rappresentanti si sforzavano di dimostrare un prudentissimo ottimismo. Allora è intervenuta una giornalista dai capelli fiammeggianti. Le vostre sono speranze illuministe, gli ha detto: sono razionali ma astratte, sono un esercizio retorico. Noi qui ne abbiamo viste tante e sappiamo bene che le cose non vanno così, che questi tentativi di dialogo non funzionano.

Lì per lì poteva sembrare un'osservazione sensata, il pessimismo dell'esperienza contrapposto alle astrazioni dei politici di professione. E poi il tempo, apparentemente, le ha dato ragione: l'accordo è fallito. Ma cosa ci stava dicendo veramente quella giornalista, mentre se la prendeva con l'illuminismo, cioè in quel caso i faticosi tentativi di trovare un punto di contatto attraverso il dialogo e il riconoscimento della pari dignità dell'interlocutore avversario? Quale sarebbe l'alternativa all'uso della ragione per individuare le cause dei conflitti fra gruppi umani e cercare di sanarli? C'è poco da fare: se si rinuncia alla

nostra fragile, insicura razionalità, se ci si fida solo di quelli che hanno il nostro sangue e ogni sforzo di dialogare con l'altro è bollato come connivenza col nemico, allora non rimane che l'esercizio della forza. Chi ce l'ha la usa e spera che basti. Tutti contro tutti. Forse non è un caso se, nei giorni in cui questo libro viene scritto, su quotidiani solitamente moderati si comincia a discutere se e quando la tortura sia ammissibile. Gli scienziati potrebbero cavarsela con un'alzata di spalle. In fondo, il nostro diritto di fare liberamente ricerca non è al momento minacciato sul serio e nessuno di noi è stato più torturato dai tempi della dittatura argentina. Secondo me, pensarlo sarebbe un errore grave. Anche la scienza moderna è un frutto dell'illuminismo; i suoi risultati (e chi li produce) sono trattati con rispetto solo se tutti siamo convinti che il mondo sia comprensibile, e i suoi problemi risolvibili, alla luce della ragione. Se così non è, la scienza non conta più niente, e neanche la politica. Forse chi vuol buttare via Darwin e Lewontin ce l'ha soprattutto con Voltaire, cioè con la speranza di poter arrivare a soluzioni ragionevoli e condivise: speranza astratta, ingenua, pateticamente ottimista fin che si vuole, ma pur sempre speranza. Persa quella, non vedo cos'altro ci resti se non la pura forza e il timore che un giorno non basti più. Forse è difficile spiegare che non ci sono razze biologiche perché viviamo in tempi in cui la parola, la parola della politica e della scienza, è diventata debole ed è sempre più difficile discutere con chiunque di qualsiasi cosa. Dove stanno le razze

Forse non rinunciamo all'idea di razza perché, anche se abbiamo letto e digerito tutti gli articoli giusti, anche se siamo ben consapevoli di quanto il concetto sia volatile e in conflitto coi dati della genetica, prima ancora di pensarlo abbiamo già incollato sui nostri interlocutori la loro brava etichetta razziale. Dunque ci sarebbe una tendenza spontanea, magari inconscia, a pensare in termini di razza, e opporvisi significherebbe andare contro natura. Ma è davvero così? So per certo che io per primo

faccio attenzione al colore della pelle di quelli che incontro. Aggiungo che stento a credere che per gli altri non avvenga lo stesso, e che i miei amici Ajit Subramaniam e Yoshie Kojima non abbiano fatto caso alle nostre pelli diverse la prima volta che ci siamo visti. Però, a qualche tempo di distanza, mi sono accorto che Ajit e Yoshie avevano smesso di essere "un indiano" e "una giapponese": per me erano diventati delle persone, con caratteristiche loro, individuali, non più anonimi esponenti delle popolazioni in cui li avevo inizialmente catalogati. Ci sono dati scientifici che appoggiano questa osservazione, empirica e forse banale, e suggeriscono che l'evoluzione ci abbia insegnato a valutare molto rapidamente se dall'incontro con una nuova persona possiamo aspettarci un'alleanza o un conflitto. Passato un po' di tempo, sviluppata una maggiore conoscenza, queste categorizzazioni non ci servono più e possiamo dimenticarcele. Ma qui preferisco lasciare la parola a Flavio Baroncelli, che a questo tema ha dedicato riflessioni originali e incisive: "La tendenza a classificare per razze non è affatto universale. È solo la particolare configurazione che, in un ambiente in cui le razze contano, assume un altro istinto, questo sì universale: quello di prendere nota, e alla svelta, delle caratteristiche delle persone che si incontrano, per capire subito se rappresentano un pericolo". O forse ha ragione Richard Lewontin quando sostiene che le razze, in fin dei conti, esistono: non nei nostri geni, ma nella nostra testa, nelle società in cui viviamo. Ce le portiamo dietro nella vita di tutti i giorni, anche se è dimostrato che la gente di pelle scura non costituisce un blocco di individui omogenei e geneticamente distinti da quelli di pelle chiara. E questo perché non si può negare che in molte parti del mondo neri e bianchi, o vecchi residenti e nuovi immigrati, costituiscano gruppi sociali diversi, che non si mescolano, i cui interessi sono percepiti come conflittuali. I confini fra loro stanno nelle loro abitudini, aspirazioni e modi di fare, ben più che nei loro geni. Forse è da lì, dalle differenze culturali con cui tutti dobbiamo

misurarci, oggi con più fatica di ieri, che prende forza l'idea che l'umanità sia divisa in gruppi congenitamente diversi. Lo dice, un po' scherzando e un po' no, anche Steve Jones: col tasso attuale di matrimoni misti si è stimato che ci vorranno cinquecento anni perché si annullino le differenze genetiche fra inglesi e scozzesi; per i loro contrasti culturali ci vorrà di più. Forse non dobbiamo aspettarci troppo dallo studio della biologia, e soprattutto non dobbiamo chiederle chi siamo, un'altra di quelle domande che fanno venire in mente i cavalli immateriali invisibili. La biologia ci dice che tenere in vita il concetto di razza è irragionevole, ma una volta detto questo tanti altri interrogativi restano aperti. Lo studio dei nostri geni ci ha fatto capire da dove veniamo, come ci siamo venuti, e quanto diversi siamo gli uni dagli altri; adesso stiamo cercando di capire perché ci ammaliamo e come guarire, e in questo campo è lecito essere abbastanza ottimisti. Ma cosa fare di queste conoscenze, se e come farle pesare nella nostra vita, e soprattutto in che misura contribuiscano a determinare quell'entità così importante e così mal definita che chiamiamo la nostra identità; chiedere questo alla biologia è troppo. Non vedo, non mi sembrano possibili, risposte scientifiche. Possiamo solo ripetere che le razze ce le siamo inventate e che oggi il modo migliore per riassumere quanto sappiamo sulla biodiversità umana è ancora lo slogan "Tutti parenti e tutti differenti". Possiamo ricordare che la nostra identità sta solo in piccola parte nell'eredità biologica che ci portiamo dentro, e molto nelle persone che frequentiamo, nel rapporto che sappiamo stabilire con gli altri, nel modo in cui ci piace spendere il nostro tempo, nei viaggi che abbiamo fatto, nei libri che abbiamo letto, nei film che abbiamo visto, nella musica che ascoltiamo: tutte cose che hanno lasciato e lasciano in noi un'impronta profonda, ma che derivano da una nostra scelta, non da una sentenza irreversibile pronunciata al momento in cui siamo stati concepiti. Qui un testo che parla di biologia deve fermarsi, lasciando a ciascuno la

libertà, ma anche la responsabilità, di arrivare da solo alle sue conclusioni.

Note

Questo capitolo risente della lettura di un saggio del grande scrittore libanese Amin Maalouf, che in francese si chiama *Les identités meurtrières*, le identità assassine, e in italiano ha perso, chissà perché, l'aggettivo: *L'identità* (Bompiani 2005). Da anni sui giornali americani c'è chi sostiene che la tortura è necessaria e alla fine l'ha scritto anche Angelo Panebianco,

"Sicurezza e fondamentalisti della legalità. Il compromesso necessario", sul *Corriere della Sera* del 13 agosto 2006.

Lo studio dei cromosomi Y nell'Uzbekistan è di R. Chaix e altri (2004), *The genetic or mythical ancestry of descent groups: Lessons from the Y chromosome*. *American Journal of*

Human Genetics 75: 1113-1116. Gli studi sul DNA delle popolazioni antiche sono L. Wang e altri (2000), *Genetic structure of a 2,500-year-old human population in China and its spatiotemporal changes*. *Molecular Biology and Evolution* 17: 1396-1400, C. Vernesi e altri (2004), *The Etruscans: a population-genetic study*. *American Journal of Human Genetics* 74:

694-70, e E.M.S. Belle e altri (2006), *Serial coalescent simulations suggest a weak genealogical relationship between Etruscans and modern Tuscans*. *Proceedings of the National*

Academy of Sciences USA 103: 8012-8017. Due miei articoli su questo tema sono usciti sul *Sole-24 Ore* del 18 e del 25 giugno 2006. L'analisi dei cognomi nei Paesi Bassi è in F. Manni e

altri (2005), *New method for surname studies of ancient patrilineal population structures, and possible application to improvement of Y-chromosome sampling*. *American Journal of*

Physical Anthropology 126: 214-228. Il lavoro di David Caramelli e altri sui sardi nuragici è ancora in preparazione.

Com'è noto, per Cesare la Gallia è divisa in tre parti, di cui quella centrale occupata dai celti. Un'approfondita analisi dell'etnogenesi dei celti è in C. Renfrew (1987), *Archaeology and language. The puzzle of Indo-European origins* (Jonathan Cape), tradotto come *Archeologia e linguaggio* (Laterza 1989). Il libro di Steve Jones che ho citato si chiama *The language of the genes* (Harper Collins 1993) e non è tradotto. L'intervista a Richard Lewontin è disponibile al sito della televisione pubblica americana PBS, http://www.pbs.org/race/000_about/002_04-background-01-04.htm. Sulla categorizzazione razziale come mezzo per valutare rapidamente potenziali avversari e alleati, si può leggere R. Kurzban, J. Tooby e L.R. Cosmides (2001), *Can race be erased? Coalitional computation and social categorization*. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 98: 15387-15392. I libri che Flavio Baroncelli ha dedicato alla razza sono *Il razzismo è una gaffe. Eccessi e virtù del "politically correct"* (Donzelli 1996) e *Viaggio al termine degli Stati Uniti. Perché gli americani votano Bush e se ne vantano* (Donzelli 2006). Ringraziamenti

Contrariamente a quanto si vede al cinema, i risultati scientifici sono sempre frutto del lavoro di tanta gente, non di uno scienziato ispirato e solo (gli scienziati si sentono soli, ma questo è un altro discorso). Dunque anche questo libro rappresenta il frutto del lavoro di tanta gente e del contributo, diretto o indiretto, di tanti amici e colleghi che non riuscirò a citare uno per uno. Ma almeno voglio mettere qui alcuni nomi: quelli di Giovanni Boniolo e di Cristina Poma, che mi hanno convinto (Giovanni, in pratica, costretto) a scrivere questo libro, e di Carla Castellacci, Guido Galesso e Massimo Pigliucci che se ne sono letti parecchi capitoli; gli errori che sono rimasti sono dovuti alla mia testardaggine. E poi ci sono Luca Cavalli-Sforza, Robert Sokal, Jaume Bertranpetit, Laurent Excoffier, Giorgio Bertorelle, Chiara Romualdi, Lounès Chikhi, Guido Modiano, David Goldstein, Joanna Mountain, Doug Futuyma, David

Balding e Lorena Madrigal: quelli con cui attraverso gli anni ho più discusso di razze, spesso trovandoci d'accordo e qualche volta, naturalmente, no.

Piccolo glossario

Adattamento: sviluppo di particolari caratteristiche biologiche, favorite in un determinato ambiente dalla selezione naturale.

Allele: una delle forme alternative di un certo gene o di una certa sequenza di DNA.

Amminoacido: uno dei componenti delle catene proteiche. Nelle proteine dei vertebrati ci sono venti diversi amminoacidi, ciascuno codificato, nel DNA, da tre basi.

Aploide: cromosoma o tratto di DNA presente in una sola copia nella cellula.

Base: uno dei componenti degli acidi nucleici. Nel DNA ci sono quattro diverse basi o nucleotidi.

Batterio: organismo unicellulare procariota, cioè dotato di cellule prive di membrana nucleare.

Biodiversità: l'insieme delle differenze biologiche fra tutti i membri di una specie, di una comunità o di un ecosistema.
Brachicefalo: a testa corta.

Caucasico: termine obsoleto che designa le persone di pelle bianca o di origine europea.

Cellula: la componente fondamentale degli organismi viventi. Nei Vertebrati contiene di norma un corredo diploide di DNA. Fanno eccezione le cellule fertili o gameti, che ne contengono un corredo aploide. **Codice genetico:** regole attraverso cui la cellula traduce nella sequenza di amminoacidi di una proteina l'informazione rappresentata dalla sequenza di basi del DNA. È universale e ha segnali di inizio e fine. Ogni amminoacido è

indicato da tre basi consecutive del DNA. Codificante: frazione di DNA che contiene l'informazione per la sintesi delle proteine. Nell'uomo rappresenta circa il 10% del DNA totale. Cro-Magnoide: gruppo umano dalle caratteristiche anatomiche moderne, documentato in Europa a partire da 40 mila anni fa. Il nome deriva dal sito francese di Cro-Magnon, in cui sono stati trovati i loro primi reperti.

Cromosoma: componente cellulare composto principalmente da una lunga catena di DNA avvolta su se stessa. Il genoma umano comprende 46 cromosomi, cioè 23 coppie di cromosomi omologhi, fra cui due cromosomi sessuali, l'X e l'Y.

Diploide: cromosoma o tratto di DNA presente in due copie nella cellula. Diversità: l'insieme delle caratteristiche variabili di una popolazione o di una specie.

Divisione cellulare: processo attraverso cui le cellule si moltiplicano. È preceduto da una replicazione del DNA, di modo che da una cellula madre si ottengono due cellule figlie, geneticamente identiche (a meno di mutazioni).

DNA: acido desossiribonucleico. Molecola presente nelle cellule, dalla struttura a doppia elica, che contiene l'informazione genetica. Dolicocefalo: a testa lunga.

Farmacogenetica: lo studio dei geni che determinano le differenze fra individuo e individuo nella risposta al trattamento con farmaci. Fertilità: capacità riproduttiva. Si misura tramite il numero di discendenti prodotti da un individuo, o in media dai membri di una popolazione. Insieme con la mortalità, è uno dei fattori che, variando, determinano la selezione naturale.

Frequenza allelica: la frequenza con cui un certo allele è presente negli individui di una popolazione.

Gameti: le cellule uovo non fecondate e gli spermatozoi. Hanno contenuto aploide di DNA.

Gene: tratto di DNA che contiene l'informazione necessaria a produrre una o più proteine.

Genetica: studio della trasmissione ereditaria dei caratteri biologici. **Genoma:** complesso del DNA presente in una cellula, o in un individuo, o tipico di una specie.

Isolamento riproduttivo: condizione in cui si trovano individui che non possono riprodursi con membri di altre comunità.

Metabolismo: insieme delle reazioni che avvengono in un organismo e che portano alla trasformazione delle molecole chimiche in esso presenti.

Migrazione: spostamento di individui o popolazioni attraverso lo spazio geografico.

Molecola: la più piccola parte di un composto o elemento chimico capace di esistenza indipendente, costituita da atomi tenuti insieme da legami chimici.

Mortalità: tendenza a morire. Si misura tramite l'età alla morte di un individuo, o in media dei membri di una popolazione. Insieme con la fertilità, è uno dei fattori che, variando, determinano la selezione naturale. **Mutazione:** alterazione ereditaria nella sequenza del DNA. **Neandertal:** gruppo umano dalle caratteristiche anatomiche arcaiche, documentato in Europa e Asia occidentale fra 250 mila e 30 mila anni fa. Il nome deriva dal sito tedesco in cui sono stati trovati alcuni dei loro primi reperti.

Neodarwinismo: sintesi fra la teoria evoluzionistica darwiniana e la genetica mendeliana.

Omologo: si dice di un cromosoma rispetto a un altro di uguale struttura e contenente gli stessi geni. In ciascuna cellula umana i cromosomi formano coppie di omologhi, uno ricevuto in eredità da un genitore e uno dall'altro.

Poligenismo: idea secondo cui l'umanità attuale consisterebbe di più specie differenti.

Polimorfismo genetico: esistenza di due o più varianti genetiche (a livello di DNA o di proteine) in una popolazione.

Pool genico: complesso di alleli presenti in una specie o in una popolazione.

Popolazione: un insieme di individui che hanno in comune alcune caratteristiche fisiche o sociali, e che tendono a riprodursi fra di loro. Replicazione (del DNA): processo cellulare attraverso cui il DNA dei cromosomi viene duplicato. Precede la divisione cellulare. Ricombinazione: processo attraverso il quale due cromosomi (generalmente omologhi) scambiano tratti di DNA. Ha conseguenze ereditarie quando si verifica durante la formazione dei gameti.

Selezione artificiale: modifica progressiva delle caratteristiche genetiche di animali e piante, tramite incroci controllati.

Selezione naturale: processo evolutivo che porta all'eliminazione di certe caratteristiche biologiche e alla diffusione di altre, più adatte all'ambiente. È dovuta a differenze ereditarie nella capacità di sopravvivere e riprodursi dei diversi individui, e quindi al loro diverso contributo alla generazione successiva.

Sequenza: successione di basi nel DNA, o di amminoacidi in una proteina. Sottospecie: gruppo di individui che differiscono dagli altri membri della specie per alcune caratteristiche ereditarie e riconoscibili. Specie: insieme di individui i cui incroci portano alla nascita di prole fertile.

Struttura genetica: distribuzione della diversità genetica nello spazio geografico.

Tassonomia: scienza della classificazione sistematica.

Variabilità: tendenza naturale alla variazione. Spesso usato come sinonimo di diversità.

Variante genica: sinonimo di allele.

Varianza genetica: statistica che esprime quanto diversi sono fra loro i DNA o le proteine di uno o più campioni di individui.

Virus: organismo a struttura subcellulare, parassita obbligato di un organismo superiore.